

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**

PCT

WELTOORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/82, 15/53, 9/02, 5/10, G01N 33/50, A01H 5/00	A1	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/04021 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Januar 1999 (28.01.99)
---	----	--

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP98/03832 (22) Internationales Anmeldedatum: 23. Juni 1998 (23.06.98) (30) Prioritätsdaten: 197 30 066.9 14. Juli 1997 (14.07.97) DE (71) Anmelder (<i>für alle Bestimmungsstaaten ausser US</i>): BASF AKTIENGESELLSCHAFT [DE/DE]; D-67056 Ludwigshafen (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (<i>nur für US</i>): SEULBERGER, Harald [DE/DE]; Speyerer Wingert 25, D-67141 Neuhofen (DE). LERCHL, Jens [DE/DE]; Im Steg 36, D-68526 Ladenburg (DE). SCHMIDT, Ralf-Michael [DE/DE]; Am Schloßgarten 9d, D-67489 Kirrweiler (DE). KRUPINSKA, Karin [DE/DE]; Gyrhofstrasse 15, D-50931 Köln (DE). FALK, Jon [DE/DE]; Feldhuhnweg 23, D-50127 Bergheim (DE). (74) Gemeinsamer Vertreter: BASF AKTIENGESELLSCHAFT; D-67056 Ludwigshafen (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: AL, AU, BG, BR, BY, CA, CN, CZ, GE, HU, ID, IL, JP, KR, KZ, LT, LV, MX, NO, NZ, PL, RO, RU, SG, SI, SK, TR, UA, US, UZ, VN, curasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht. Vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche zugelassenen Frist; Veröffentlichung wird wiederholt falls Änderungen eintreffen.</i>
---	--

(54) Title: **DNA SEQUENCE CODING FOR A HYDROXYPHENYL PYRUVATE DIOXYGENASE AND OVERPRODUCTION THEREOF IN PLANTS**

(54) Bezeichnung: **DNA-SEQUENZ CODIEREND FÜR EINE HYDROXYPHENYL PYRUVATDIOXYGENASE UND DEREN ÜBERPRODUKTION IN PFLANZEN**

(57) Abstract

The invention relates to a method for producing plants with an increased yield of vitamin E from biosynthesis by overexpression of a plant HPPD gene from barley.

(57) Zusammenfassung

Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhter Vitamin E Biosyntheseleistung durch Überexpression eines pflanzlichen HPPD-Gens aus Gerste.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

DNA-Sequenz codierend für eine Hydroxyphenylpyruvatdioxygenase und deren Überproduktion in Pflanzen

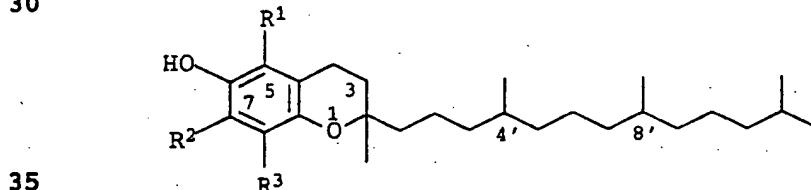
5 Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt durch Expression eines exogenen oder endogenen HPPD-Gens in Pflanzen oder Pflanzen-10 teilen. Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung der entsprechenden Nukleinsäuren kodierend für ein HPPD-Gen in transgenen Pflanzen, um diese resistent gegenüber Hemmstoffen der HPPD zu machen, sowie die Verwendung der DNA-Sequenz codierend für eine HPPD zur Herstellung eines Testsystems zur Identifizierung-15 von Inhibitoren der HPPD.

Ein wichtiges Ziel pflanzenmolekulargenetischer Arbeiten ist die Erzeugung von Pflanzen mit erhöhtem Gehalt an Zuckern, Enzymen und Aminosäuren. Wirtschaftlich interessant wäre auch die Ent-20 wicklung von Pflanzen mit erhöhtem Gehalt an Vitaminen, wie z.B. der Erhöhung des Vitamin E-Gehaltes.

Die in der Natur vorkommenden acht Verbindungen mit Vitamin E-Aktivität sind Derivate des 6-Chromanols (Ullmann's 25 Encyclopedia of Industrial Chemistry, Vol. A 27 (1996), VCH Verlagsgesellschaft, Chapter 4., 478-488, Vitamin E). Die erste Gruppe (1a - d) stammt von Tocol ab, die zweite Gruppe besteht aus Derivaten des Tocotrienols (2a - d):

30



35

1a, α -Tocopherol: $R^1 = R^2 = R^3 = \text{CH}_3$

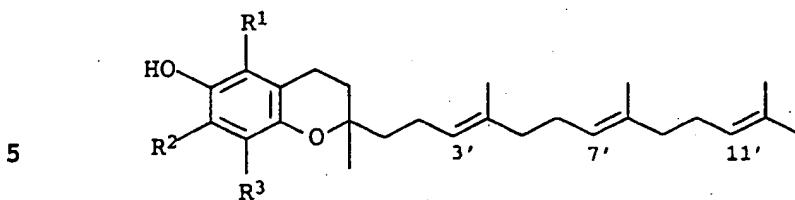
1b, β -Tocopherol [148-03-8]: $R^1 = R^3 = \text{CH}_3$, $R^2 = \text{H}$

40 1c, γ -Tocopherol [54-28-4]: $R^1 = \text{H}$, $R^2 = R^3 = \text{CH}_3$

1d, δ -Tocopherol [119-13-1]: $R^1 = R^2 = \text{H}$, $R^3 = \text{CH}_3$

45

2



2a, α -Tocotrienol [1721-51-3]: $R^1 = R^2 = R^3 = CH_3$
 10 2b, β -Tocotrienol [490-23-3]: $R^1 = R^3 = CH_3$, $R^2 = H$
 2c, γ -Tocotrienol [14101-61-2]: $R^1 = H$, $R^2 = R^3 = CH_3$
 2d, δ -Tocotrienol [25612-59-3]: $R^1 = R^2 = H$, $R^3 = CH_3$

Wirtschaftlich große Bedeutung besitzt α -Tocopherol.

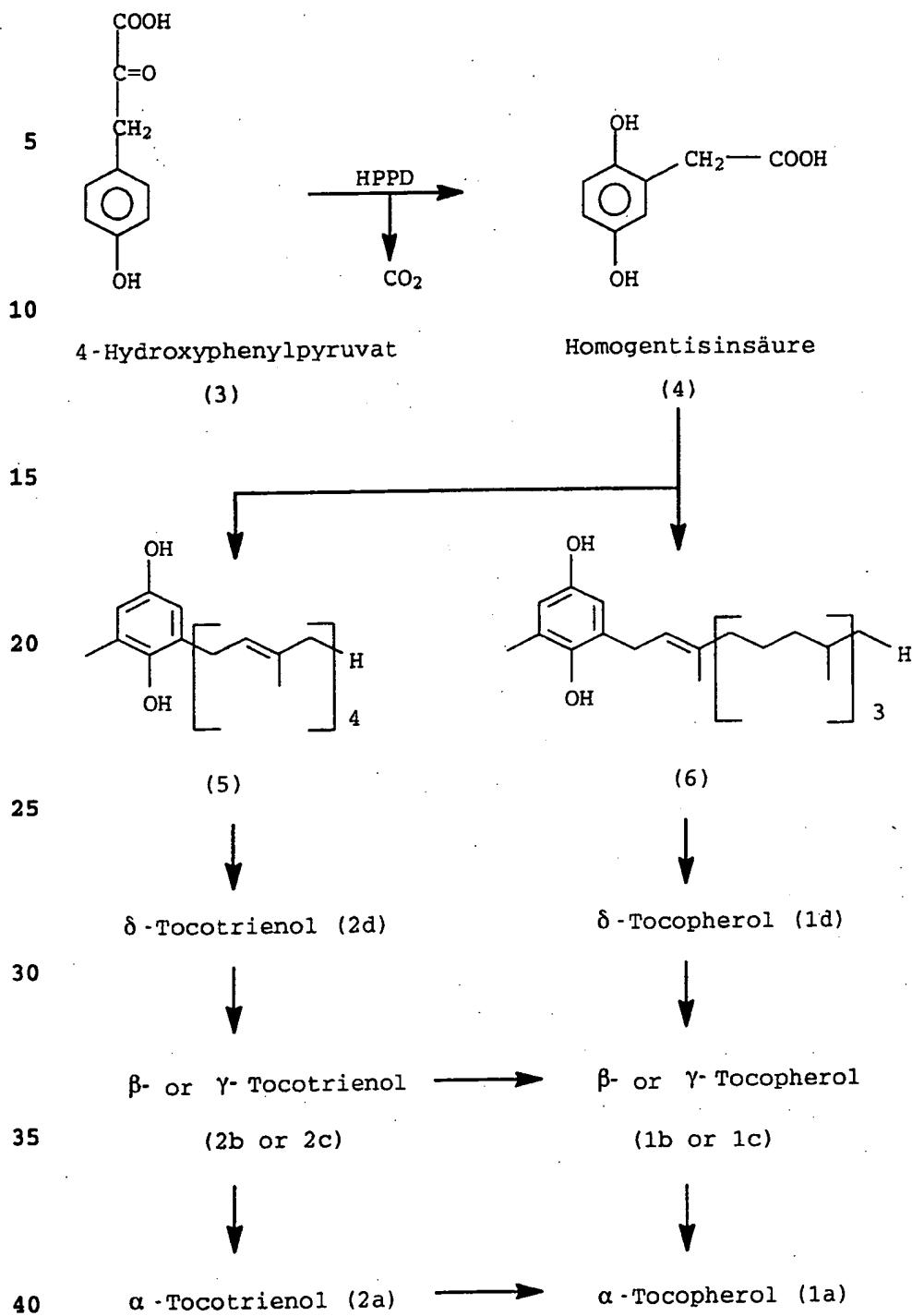
15 Der Entwicklung von Kulturpflanzen mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt durch Gewebekultur oder Samenmutagenese und natürliche Auswahl sind Grenzen gesetzt. So muß einerseits der Vitamin E-Gehalt bereits in Gewebekultur erfassbar sein und andererseits können 20 nur diejenigen Pflanzen über Gewebekulturtechniken manipuliert werden, deren Regeneration zu ganzen Pflanzen aus Zellkulturen gelingt. Außerdem können Kulturpflanzen nach Mutagenese und Selektion unerwünschte Eigenschaften zeigen, die durch teilweise mehrmalige Rückkreuzungen wieder beseitigt werden müssen. Auch 25 wäre die Erhöhung des Vitamin E Gehaltes durch Kreuzung auf Pflanzen der selben Art beschränkt.

Aus diesen Gründen ist das gentechnische Vorgehen, ein für die Vitamin E Syntheseleistung kodierendes, essentielles Biosynthese-30 gen zu isolieren und in Kulturpflanzen gezielt zu übertragen, dem klassischen Züchtungsverfahren überlegen. Dieses Verfahren setzt voraus, daß die Biosynthese und deren Regulation bekannt ist und daß Gene, die die Biosyntheseleistung beeinflussen, identifiziert werden.

35 Die Tocopherol-Biosynthese in Pflanzen und Algen verläuft bekannt wie folgt:

40

45



Vorstufe des aromatischen Rings der Tocopherole ist p-Hydroxyphenylpyruvat (3), das enzymatisch mit Hilfe des Enzyms Hydroxyphenylpyruvatdioxygenase (HPPD) in Homogentisinsäure (4) umgewandelt wird, die mit Phytolpyrophosphat unter Eliminierung von CO₂ zur Vorstufe (6) reagiert. Der Tocotrienolbiosyntheseweg

beginnt mit der Kondensation von Homogentisinsäure(4) mit Geranylgeranylpyrophosphat zur Vorstufe (5). Die enzymatische Cyclisierung der Vorstufen 5 oder 6 führt zu δ - Tocotrienol bzw. zu δ - Tocopherol. Einige dieser Biosyntheseenzyme wurden isoliert.

5

Bei der Suche nach *Arabidopsis*-Mutanten, die Defekte in der Carotinoidbiosynthese aufweisen, wurde eine Mutante mit weißem Phänotyp identifiziert, die keine aktive HPPD bilden kann. Wenn die als *pds2* bezeichnete Mutante in Gegenwart von Homogentisinsäure 10 angezogen wird, bildet sie wie der Wildtyp Carotinoide und ergrünt (Norris et al., *Plant Cell* (1995) 7: 2139 - 2149). Diese Untersuchung zeigt, daß die Aktivität der HPPD Voraussetzung für die Ausbildung photosynthetisch aktiver Chloroplasten ist. Ohne dieses Enzym werden keine Plastochinone gebildet, die als Akzeptoren für freigesetzte Reduktionsäquivalente während der Carotinoidbiosynthese erforderlich sind (Phytoendesaturierung). Die Schlüsselrolle der HPPD im plastidären Stoffwechsel macht sie zu einem interessanten Target für Herbizide. Sulcotriione hemmen die Aktivität des Enzyms effektiv (Schultz et al., *FEBS Lett.* (1993) 20 318: 162 - 166).

Von den im folgenden genannten Organismen sind bereits Sequenzen HPPD spezifischer Gene bekannt:

25

Organismus	Sequenzname	Zugangsnummer Datenbank
Mensch	HPPD_HUMAN	X72389
Schwein	HPPD_PIG	D13390
Ratte	HPPD_RAT	M18405
Maus	HPPD_MOUSE	D29987
<i>Streptomyces avermitilis</i>	SA11864	U11864
<i>Pseudomonas</i> sp. strain P.J. 874	HPPD_PSESP	P80064
<i>Arabidopsis</i>	HPPD_ARAB1	AF900228
	HPPD_ARAB2	U89267

40 Des Weiteren sind folgende Sequenzen mit deutlicher Homologie zu HPPD-Sequenzen in den Datenbanken zu finden:

PEA3_MOUSE: *Mus muscula* (Maus) PEA3 polypeptide, AC X63190;

45 MELA_SHECO: *Shewanella colwelliana*, melA Protein, AC M59289,

In WO 96/38567 wird die HPPD DNA-Sequenz aus *Arabidopsis thaliana* und *Daucus carota* beschrieben.

Sowohl für die Anwendung im Pflanzenschutz zur Erzeugung Herbizid-resistenter Pflanzen als auch für die Erhöhung der Vitamin E-Synthese in Pflanzen - beispielsweise zur Erzeugung von Futtermitteln mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt - ist die Kenntnis der HPPD-DNA-Sequenzen unbedingte Voraussetzung.

10 Aufgabe der vorliegenden Erfindung war die Entwicklung einer transgenen Pflanze mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt.

Weitere Aufgabe der vorliegenden Erfindung war die Entwicklung einer gegen Inhibitoren der HPPD resistenten transgenen Pflanze.

15 Beide Aufgaben wurden überraschenderweise gelöst durch die Überexpression eines HPPD-Gens in den Pflanzen.

Zusätzliche Aufgabe der vorliegenden Erfindung war die Entwicklung eines Testsystems zur Identifizierung von Inhibitoren 20 der HPPD.

Diese Aufgabe wurde gelöst durch die Expression eines HPPD-Gens aus Gerste in einer Pflanze bzw. einem Mikroorganismus und 25 anschließende Testung von Chemikalien auf Hemmung der HPPD-Enzymaktivität.

Ein erster Gegenstand der vorliegenden Erfindung betrifft die Klonierung des vollständigen HPPD-Gens aus Gerste über die 30 Isolierung der für das HPPD-Gen spezifischen cDNA (HvSD36).

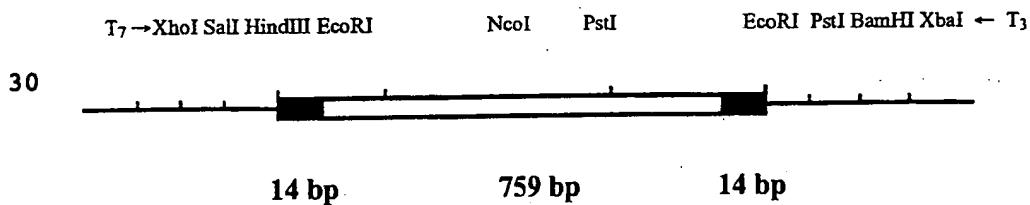
Während der Blattseneszenz tritt eine deutliche Erhöhung des Vitamin E-Gehalts in den Blättern auf (Rise et al., Plant Physiol. (1989) 89: 1028 - 1030). Das monokotyle Blatt der Gerste 35 stellt einen Gradienten von Zellen unterschiedlichen Alters dar, da das Blatt ein basal gelegenes Meristem hat, von dem sich sukzessive neue Zellen abspalten. Somit liegen die ältesten Zellen an der Spitze des Blattes und die jüngsten an der Basis. Abb. 1 zeigt eine schematische Zeichnung des Primärblattes der 40 Gerste an verschiedenen Tagen nach Aussaat. Die ermittelte Gesamtlänge der Blätter ist in der Skala links zu entnehmen. Eingezeichnet und mit I - IV benannt sind die für die Analyse 45 der Genexpression ausgewählten verschieden weit differenzierten Blattbereiche des Primärblattes. Die Pflanzen wurden in einem täglichen Licht/Dunkel-Wechsel (L/D) angezogen bzw. zur Induktion der Seneszenz nach 6 Tagen abgeschnitten und für 2 Tage dunkel (2 nD) inkubiert. Eine "Northern blot"-Analyse mit RNA aus

verschieden weit differenzierten Bereichen des Primärblattes der Gerste (siehe Abb. 2) deuten auf eine entwicklungsabhängig gesteuerte Expression der HPPD der Gerste hin. So findet eine starke Akkumulation des ca. 1600 nt langen Transkriptes im meristematischen Bereich an der Basis des Primärblattes (I) statt. Der Gehalt an diesem Transkript fällt mit zunehmendem Alter des Gewebes ab (IIa und IIb) und steigt in den voll ausdifferenzierten Zellen mit ausgereiften Chloroplasten (III) wieder an. In seneszierenden Bereichen des Primärblattes (IV) ist schließlich 10 der Gehalt am 1600 nt langen Transkript am höchsten. Zusätzlich ist nur in den meristematischen Zellen an der Basis des Primärblattes ein ca. 3100 nt langes Transkript zu detektieren. Auch dieses Transkript ist in zunehmender Reifung des Gewebes nicht mehr nachweisbar.

15

Mit Hilfe des sogenannten "Differential Display"-Verfahrens wurde zunächst ein 207 bp cDNA-Fragment isoliert, dessen entsprechendes Transkript bei dunkelinduzierter Seneszenz im Primärblatt der Gerste akkumulierte. Dieses Fragment (Sequenzprotokoll: Sequenz ID NO:1: Nukleotidposition 1342 - 1549) wurde anschließend als Sonde verwendet, um in einer cDNA-Bank (in λ -ZAP-II) aus seneszierenden Fahnenblättern der Gerste einen cDNA-Klon mit größerem Insert zu isolieren.

25 Schematische Darstellung des cDNA-Teilklangs HvSD 36 aus der λ -ZAP-II-Bank:



30

Das cDNA-Fragment (Sequenzprotokoll: Sequenz ID NO:1: Nukleotidposition 771 - 1529) wurde in die EcoRI Schnittstelle von pBluescript(SK⁻) kloniert. An beiden Enden der cDNA befindet sich zusätzlich eine 14 bp Adaptorsequenz, die zur Ligation in den λ -ZAP-II benötigt wurde. Eingezeichnet sind ausgewählte Restriktions-35 schnittstellen des Vektors sowie der cDNA selbst.

Das 759 bp lange cDNA-Fragment wurde als Sonde für einen weiteren Versuch verwendet, um eine vollständige Sequenz von HvSD 36 45 zu erlangen. Zu diesem Zweck stand eine cDNA Bank aus RNA des meristematischen Bereichs 5 Tage alter Gerstenkeimlinge zur Verfügung. Für diese cDNA Bank wurde der Lambda Phage ExCell Eco

RICIP von Pharmacia (Freiburg) (Produkt Nummer: 27-5011, 45.5kb) verwendet.

Es konnte ein 1565 bp langer cDNA-Klon isoliert werden, siehe 5 Sequenzprotokoll: Sequenz ID NO:1: und 2.

Die 434 Aminosäuren lange Proteinsequenz weist unter den in den Datenbanken befindlichen Sequenzen mit 58 % die höchste Homologie zur Sequenz der HPPD aus *Arabidopsis thaliana* auf.

10

Zur Auffindung eines genomischen Klones, der die vollständige Gensequenz der HPPD beinhaltet, wurde eine Lambda FIXII-Bank der Gerste von der Firma Stratagene (Heidelberg, Produkt Nummer 946104) bezogen. Zur Herstellung der Bank diente DNA aus

15

etiolierten Blättern der Wintergerste cv. Igri. Die DNA wurde partiell mit Sau3AI verdaut. Vor der Klonierung in die XbaI-Schnittstelle des Vektors erfolgte eine Auffüllung der Fragmentenden und der Phagenarme mit Nukleotiden. Die Durchmusterung der Bank mit 200.000 pfu in der ersten Runde ergab nur einen

20

Klon, der mit der cDNA HvSD36 hybridisierte. Nach Restriktionsverdau dieses rekombinanten Phagen mit PstI und SacI konnten anschließend Fragmente mit Größen von 5400, 3800 und 1800bp isoliert werden, die bei einer "Southern"-Blot-Hybridisierung mit der HvSD36-Sonde detektierbar sind. Diese Subfragmente liegen

25

kloniert im Bluescript-Vektor vor. Abbildung 3 zeigt den schematischen Aufbau des HPPD-Gens der Gerste.

Gegenstand der Erfindung sind insbesondere Expressionskassetten, deren Sequenz für eine HPPD oder deren funktionelles Äquivalent 30 kodiert, sowie deren Verwendung zur Herstellung einer Pflanze mit erhöhtem Vitamin E Gehalt. Die Nukleinsäuresequenz kann dabei z.B. eine DNA- oder eine cDNA-Sequenz sein. Zur Insertion in eine erfindungsgemäße Expressionskassette geeignete kodierende Sequenzen sind beispielsweise solche, die für eine HPPD kodieren 35 und die dem Wirt die Fähigkeit zur Überproduktion von Vitamin E verleihen.

Die erfindungsgemäßen Expressionskassetten beinhalten außerdem 40 regulative Nukleinsäuresequenzen, welche die Expression der kodierenden Sequenz in der Wirtszelle steuern. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform umfaßt eine erfindungsgemäße Expressionskassette stromaufwärts, d.h. am 5'-Ende der kodierenden Sequenz, einen Promotor und stromabwärts, d.h. am 3'-Ende, ein Polyadenyllierungssignal und gegebenenfalls weitere regulatorische Elemente, welche mit der dazwischenliegenden kodierenden Sequenz für 45 das HPPD-Gen operativ verknüpft sind. Unter einer operativen Verknüpfung versteht man die sequenzielle Anordnung von Promotor,

kodierender Sequenz, Terminator und ggf. weiterer regulativer Elemente derart, daß jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann. Die zur operativen Verknüpfung bevorzugten aber 5 nicht darauf beschränkten Sequenzen sind Targeting-Sequenzen zur Gewährleistung der subzellulären Lokalisation im Apoplasten, in der Vakuole, in Plastiden, im Mitochondrium, im Endoplasmatischen Retikulum (ER), im Zellkern, in Ölkörperchen oder anderen Kompartimenten und Translationsverstärker wie die 5'-Führungssequenz 10 aus dem Tabak-Mosaic-Virus (Gallie et al., Nucl. Acids Res. 15 (1987) 8693 - 8711).

Beispielhaft kann die pflanzliche Expressionskassette in den Tabak-transformationsvektor pBinAR-Hyg eingebaut werden. Abb. 4 15 zeigt die Tabaktransformationsvektoren pBinAR-Hyg mit 35S-Promotor (A) bzw. pBinAR-Hyg mit samenspezifischem Promotor Phaseolin 796 (B):

- HPT: Hygromycin-Phosphotransferase
- 20 - OCS: Octopin-Synthase-Terminator
- PNOS: Nopaline-Synthase-Promotor
- außerdem sind solche Restriktionsschnittstellen eingezeichnet, die nur einmal den Vektor schneiden.

25 Als Promotoren der erfindungsgemäßen Expressionskassette ist grundsätzlich jeder Promotor geeignet, der die Expression von Fremdgenen in Pflanzen steuern kann. Vorzugsweise verwendet man insbesondere einen pflanzlichen Promotor oder einen Promotor, der einem Pflanzenvirus entstammt. Insbesondere bevorzugt ist der 30 CaMV 35S-Promotor aus dem Blumenkohl-Mosaik-Virus (Franck et al., Cell 21 (1980) 285 - 294). Dieser Promotor enthält bekanntlich unterschiedliche Erkennungssequenzen für transkriptionale Effektoren, die in ihrer Gesamtheit zu einer permanenten und konstitutiven Expression des eingeführten Gens führen (Benfey et al., 35 EMBO J. 8 (1989) 2195 - 2202).

Die erfindungsgemäße Expressionskassette kann auch einen chemisch induzierbaren Promotor enthalten, durch den die Expression des exogenen HPPD-Gens in der Pflanze zu einem bestimmten Zeitpunkt gesteuert werden kann. Derartige Promotoren 40 wie z.B. der PRP1-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993), 361-366), ein durch Salizylsäure induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein durch Benzenesufonamid-induzierbarer (EP-A 388186), ein durch Tetrazyklin-induzierbarer (Gatz et al., 45 (1992) Plant J. 2, 397-404), ein durch Abscisinsäure-induzierbarer (EP-A 335528) bzw. ein durch Ethanol- oder Cyclohexanon-

induzierbarer (WO 93/21334) Promotor können u.a. verwendet werden.

Weiterhin sind insbesonders solche Promotoren bevorzugt, die die 5 Expression in Geweben oder Pflanzenteilen sicherstellen, in denen die Biosynthese von Vitamin E bzw. dessen Vorstufen stattfindet. Insbesondere zu nennen sind Promotoren, die eine blattspezifische Expression gewährleisten. Zu nennen sind der Promotor der cytosolischen FBPase aus Kartoffel oder der ST-LSI Promotor 10 aus Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8 (1989) 2445 - 245).

Mit Hilfe eines samenspezifischen Promotors konnte ein Fremdprotein stabil bis zu einem Anteil von 0,67 % des gesamten löslichen Samenproteins in den Samen transgener Tabakpflanzen 15 exprimiert werden (Fiedler und Conrad, Bio/Technology 10 (1995), 1090-1094). Die erfindungsgemäße Expressionskassette kann daher beispielsweise einen samenspezifischen Promotor (bevorzugt den Phaseolin-Promotor (US 5504200), den USP- (Baumlein, H. et al. Mol. Gen. Genet. (1991) 225 (3), 459 - 467) oder LEB4-Promotor 20 (Fiedler und Conrad, 1995)), das LEB4-Signalpeptid, das zu exprimierende Gen und ein ER-Retentionssignal enthalten. Der Aufbau einer derartigen Kassette ist in der Abbildung 4 schematisch beispielhaft dargestellt.

25 Die Herstellung einer erfindungsgemäßen Expressionskassette erfolgt durch Fusion eines geeigneten Promotors mit einer geeigneten HPPD-DNA Sequenz und vorzugsweise einer zwischen Promotor und HPPD-DNA-Sequenz inserierten DNA, die für ein chloroplastenspezifisches Transitpeptid kodiert, sowie einem 30 Polyadenylierungssignal nach gängigen Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, 35 Experiments with Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and Wiley-Interscience (1987) beschrieben sind.

40 Insbesondere bevorzugt sind Sequenzen, die ein Targeting in den Apoplasten, in Plastiden, die Vakuole, das Mitochondrium, das Endoplasmatische Retikulum (ER) oder durch ein Fehlen entsprechender operativer Sequenzen einen Verbleib im Kompartiment des Entstehens, dem Zytosol, gewährleisten (Kermode, Crit. Rev. 45 Plant Sci. 15, 4 (1996), 285 - 423). Für die Menge der Proteinakkumulation in transgenen Pflanzen besonders förderlich erwiesen

hat sich eine Lokalisation im ER (Schouten et al. , Plant Mol. Biol. 30 (1996), 781 - 792).

Gegenstand der Erfindung sind auch Expressionskassetten, deren 5 DNA-Sequenz für ein HPPD-Fusionsprotein kodiert, wobei ein Teil des Fusionsproteins ein Transitpeptid ist, das die Translokation des Polypeptides steuert. Besonders bevorzugt sind für die Chloroplasten spezifische Transitpeptide, welche nach Trans- lokation des HPPD-Gens in die Chloroplasten vom HPPD-Teil 10 enzymatisch abgespalten werden. Insbesondere bevorzugt ist das Transitpeptid, das von der plastidären Transketolase (TK) oder einem funktionellen Äquivalent dieses Transitpeptids (z.B. das Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Rubisco oder der Ferredoxin NADP Oxidoreduktase) abgeleitet ist.

15 Die inserierte Nukleotid-Sequenz kodierend für eine HPPD kann synthetisch hergestellt oder natürlich gewonnen sein oder eine Mischung aus synthetischen und natürlichen DNA-Bestandteilen ent- halten. Im allgemeinen werden synthetische Nukleotid-Sequenzen 20 mit Kodons erzeugt, die von Pflanzen bevorzugt werden. Diese von Pflanzen bevorzugten Kodons können aus Kodons mit der höchsten Proteinhäufigkeit bestimmt werden, die in den meisten interessan- ten Pflanzenspezies exprimiert werden. Bei der Präparation einer Expressionskassette können verschiedene DNA-Fragmente manipuliert 25 werden, um eine Nukleotid-Sequenz zu erhalten, die zweckmäßiger- weise in der korrekten Richtung liest und die mit einem korrekten Leseraster ausgestattet ist. Für die Verbindung der DNA-Fragmente miteinander können an die Fragmente Adaptoren oder Linker ange- setzt werden.

30 Zweckmäßigerweise können die erfindungsgemäßen Promotor- und die Terminator-Regionen in Transkriptionsrichtung mit einem Linker oder Polylinker, der eine oder mehrere Restriktionsstellen für die Insertion dieser Sequenz enthält, versehen werden. In der 35 Regel hat der Linker 1 bis 10, meistens 1 bis 8, vorzugsweise 2 bis 6 Restriktionsstellen. Im allgemeinen hat der Linker inner- halb der regulatorischen Bereiche eine Größe von weniger als 100 bp, häufig weniger als 60 bp, mindestens jedoch 5 bp. Der erfindungsgemäße Promotor kann sowohl nativ bzw. homolog als auch 40 fremdartig bzw. heterolog zur Wirtspflanze sein. Die erfindungs- gemäße Expressionskassette beinhaltet in der 5'-3'-Transkri- tionsrichtung den erfindungsgemäßen Promotor, eine beliebige DNA-Sequenz und eine Region für die transkriptionale Termination. Verschiedene Terminationsbereiche sind gegeneinander beliebig 45 austauschbar.

11

Ferner können Manipulationen, die passende Restriktionsschnittstellen bereitstellen oder die überflüssige DNA oder Restriktionsschnittstellen entfernen, eingesetzt werden. Wo Insertionen, Deletionen oder Substitutionen wie z.B. Transitionen und Transversionen in Frage kommen, können *in vitro*-Mutagenese, "primer-repair", Restriktion oder Ligation verwendet werden. Bei geeigneten Manipulationen, wie z.B. Restriktion, "chewing-back" oder Auffüllen von Überhängen für "bluntends", können komplementäre Enden der Fragmente für die Ligation zur Verfügung gestellt werden.

10

Von Bedeutung für den erfindungsgemäßen Erfolg kann u.a. das Anhängen des spezifischen ER-Retentionssignals SEKDEL sein (Schouten, A. et al. *Plant Mol. Biol.* 30 (1996), 781 - 792), die durchschnittliche Expressionshöhe wird damit verdreifacht bis vervierfacht. Es können auch andere Retentionssignale, die natürlicherweise bei im ER lokalisierten pflanzlichen und tierischen Proteinen vorkommen, für den Aufbau der Kassette eingesetzt werden.

15

Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind pflanzliche Polyadenylierungssignale, vorzugsweise solche, die im wesentlichen T-DNA-Polyadenylierungssignale aus *Agrobacterium tumefaciens*, insbesondere des Gens 3 der T-DNA (Octopin Synthase) des Ti-Plasmids pTiACH5 entsprechen (Gielen et al., *EMBO J.* 3 (1984) 835 ff) oder funktionelle Äquivalente.

Eine erfindungsgemäße Expressionskassette kann beispielsweise einen konstitutiven Promotor (bevorzugt den CaMV 35 S-Promotor), das LeB4-Signalpeptid, das zu exprimierende Gen und das ER-Retentionssignal enthalten. Als ER-Retentionssignal wird bevorzugt die Aminosäuresequenz KDEL (Lysin, Asparaginsäure, Glutaminsäure, Leucin) verwendet.

35 Vorzugsweise wird die fusionierte Expressionskassette, die für ein HPPD-Gen kodiert, in einen Vektor, beispielsweise pBin19, kloniert, der geeignet ist, *Agrobacterium tumefaciens* zu transformieren. Mit einem solchen Vektor transformierte Agrobakterien können dann in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen, 40 insbesondere von Kulturpflanzen, wie z.B. von Tabakpflanzen, verwendet werden, indem beispielsweise verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden. Die Transformation von Pflanzen durch Agrobakterien ist unter anderem bekannt aus F.F. 45 White, *Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants*, Vol. 1, *Engineering and Utilization*, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15 - 38. Aus den

12

transformierten Zellen der verwundeten Blätter bzw. Blattstücke können in bekannter Weise transgene Pflanzen regeneriert werden, die ein in die erfindungsgemäße Expressionskassette integriertes Gen für die Expression eines HPPD-Gens enthalten.

5

Zur Transformation einer Wirtspflanze mit einer für eine HPPD kodierenden DNA wird eine erfindungsgemäße Expressionskassette als Insertion in einen rekombinanten Vektor eingebaut, dessen Vektor-DNA zusätzliche funktionelle Regulationssignale, 10 beispielsweise Sequenzen für Replikation oder Integration enthält. Geeignete Vektoren sind unter anderem in "Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology" (CRC Press), Kap. 6/7, S. 71 - 119 (1993) beschrieben.

15 Unter Verwendung der oben zitierten Rekombinations- und Klonierungstechniken können die erfindungsgemäßen Expressionskassetten in geeignete Vektoren kloniert werden, die ihre Vermehrung, beispielsweise in *E. coli*, ermöglichen. Geeignete Klonierungsvektoren sind u.a. pBR332, pUC-Serien, M13mp-Serien und pACYC184. 20 Besonders geeignet sind binäre Vektoren, die sowohl in *E. coli* als auch in Agrobakterien replizieren können.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft die Verwendung einer erfindungsgemäßen Expressionskassette zur Transformation 25 von Pflanzen, -zellen, -geweben oder Pflanzenteilen. Vorzugsweise ist Ziel der Verwendung die Erhöhung des Vitamin E-Gehaltes der Pflanze.

Dabei kann je nach Wahl des Promotors die Expression spezifisch 30 in den Blättern, in den Samen oder anderen Teilen der Pflanze erfolgen. Solche transgenen Pflanzen, deren Vermehrungsgut sowie deren Pflanzenzellen, -gewebe oder -teile sind ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

35 Die erfindungsgemäße Expressionskassette kann darüberhinaus auch zur Transformation von Bakterien, Cyanobakterien, Hefen, filamentösen Pilzen und Algen mit dem Ziel einer Erhöhung der Vitamin E-Produktion eingesetzt werden.

40 Die Übertragung von Fremdgenen in das Genom einer Pflanze wird als Transformation bezeichnet. Es werden dabei die beschriebenen Methoden zur Transformation und Regeneration von Pflanzen aus Pflanzenengeweben oder Pflanzenzellen zur transienten oder stabilen Transformation genutzt. Geeignete Methoden sind die Protoplasten- 45 transformation durch Polyethylenglykol-induzierte DNA-Aufnahme, das biolistische Verfahren mit der Genkanone - sogenannte particle bombardment Methode, die Elektroporation, die Inkubation

trockener Embryonen in DNA-haltiger Lösung, die Mikroinjektion und der durch Agrobacterium vermittelte Gentransfer. Die genannten Verfahren sind beispielsweise in B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press (1993) 128 - 143 sowie in Potrykus Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991) 205 - 225) beschrieben. Vorzugsweise wird das zu exprimierende Konstrukt in einen Vektor kloniert, der geeignet ist, Agrobacterium tumefaciens zu transformieren, beispielsweise pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984) 8711).

Mit einer erfindungsgemäßen Expressionskassette transformierte Agrobakterien können ebenfalls in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen, insbesondere von Kulturpflanzen, wie Getreide, 15 Mais, Hafer, Soja, Reis, Baumwolle, Zuckerrübe, Canola, Sonnenblume, Flachs, Hanf, Kartoffel, Tabak, Tomate, Raps, Alfalfa, Salat und den verschiedenen Baum-, Nuß- und Weinspezies, verwendet werden, z.B. indem verwundete Blätter oder Blattstücke in 20 einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

Funktionell äquivalente Sequenzen, die für ein HPPD-Gen kodieren, sind erfindungsgemäß solche Sequenzen, welche trotz abweichender 25 Nukleotidsequenz noch die gewünschten Funktionen besitzen. Funktionelle Äquivalente umfassen somit natürlich vorkommende Varianten der hierin beschriebenen Sequenzen sowie künstliche, z.B. durch chemische Synthese erhaltene, an den Kodon-Gebrauch einer Pflanze angepaßte, künstliche Nukleotid-Sequenzen.

30 Unter einem funktionellen Äquivalent versteht man insbesondere auch natürliche oder künstliche Mutationen einer ursprünglich isolierten für eine HPPD kodierende Sequenz, welche weiterhin die gewünschte Funktion zeigen. Mutationen umfassen Substitutionen, 35 Additionen, Deletionen, Vertauschungen oder Insertionen eines oder mehrerer Nukleotidreste. Somit werden beispielsweise auch solche Nukleotidsequenzen durch die vorliegende Erfindung mit umfaßt, welche man durch Modifikation dieser Nukleotidsequenz erhält. Ziel einer solchen Modifikation kann z.B. die weitere 40 Eingrenzung der darin enthaltenen kodierenden Sequenz oder z.B. auch die Einfügung weiterer Restriktionsenzym-Schnittstellen sein.

Funktionelle Äquivalente sind auch solche Varianten, deren 45 Funktion, verglichen mit dem Ausgangsgen bzw. Genfragment, abgeschwächt oder verstärkt ist.

14

Außerdem sind artifizielle DNA-Sequenzen geeignet, solange sie, wie oben beschrieben, die gewünschte Eigenschaft der Erhöhung des Vitamin E Gehaltes in der Pflanze durch Überexpression des HPPD-Gens in Kulturpflanzen vermitteln. Solche artifiziellen DNA-
5 Sequenzen können beispielsweise durch Rückübersetzung mittels Molecular Modelling konstruierter Proteine, die HPPD Aktivität aufweisen oder durch *in vitro*-Selektion ermittelt werden. Besonders geeignet sind kodierende DNA-Sequenzen, die durch Rückübersetzung einer Polypeptidsequenz gemäß der für die Wirtspflanze
10 spezifischen Kodon-Nutzung erhalten wurden. Die spezifische Kodon-Nutzung kann ein mit pflanzengenetischen Methoden vertrauter Fachmann durch Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der zu transformierenden Pflanze leicht ermitteln.
15 Als weitere erfindungsgemäße geeignete äquivalente Nukleinsäure-Sequenzen sind zu nennen Sequenzen, welche für Fusionsproteine kodieren, wobei Bestandteil des Fusionsproteins ein pflanzliches HPPD-Polypeptid oder ein funktionell äquivalenter Teil davon ist. Der zweite Teil des Fusionsproteins kann z.B. ein weiteres Polypeptid mit enzymatischer Aktivität sein oder eine antigene Polypeptidsequenz mit deren Hilfe ein Nachweis auf HPPD-Expression möglich ist (z.B. myc-tag oder his-tag). Bevorzugt handelt es sich dabei jedoch um eine regulative Proteinsequenz, wie z.B. ein Signal- oder Transitpeptid, das das HPPD-Protein an den
25 gewünschten Wirkort leitet.

Gegenstand der Erfindung sind aber auch die erfindungsgemäß erzeugten Expressionsprodukte sowie Fusionsproteine aus einem Transitpeptid und einem Polypeptid mit HPPD-Aktivität.

30 Erhöhung des Vitamin E-Gehaltes bedeutet im Rahmen der vorliegenden Erfindung die künstlich erworbene Fähigkeit einer erhöhten Vitamin E-Biosyntheseleistung durch funktionelle Überexpression des HPPD-Gens in der Pflanze gegenüber der nicht gentechnisch
35 modifizierten Pflanze für die Dauer mindestens einer Pflanzen-generation.

Der Biosyntheseort von Vitamin E ist im allgemeinen das Blattgewebe, so daß eine blattspezifische Expression des HPPD-Gens
40 sinnvoll ist. Es ist jedoch naheliegend, daß die Vitamin E-Biosynthese nicht auf das Blattgewebe beschränkt sein muß, sondern auch in allen übrigen Teilen der Pflanze -beispielsweise in fett-haltigen Samen - gewebespezifisch erfolgen kann.

Darüberhinaus ist eine konstitutive Expression des exogenen HPPD-Gens von Vorteil. Andererseits kann aber auch eine induzierbare Expression wünschenswert erscheinen.

5 Die Wirksamkeit der Expression des transgen experimierten HPPD-Gens kann beispielsweise *in vitro* durch Sproßmeristemvermehrung ermittelt werden. Zudem kann eine in Art und Höhe veränderte Expression des HPPD-Gens und deren Auswirkung auf die Vitamin E-Biosyntheseleistung an Testpflanzen in Gewächshausversuchen 10 getestet werden.

Gegenstand der Erfindung sind außerdem transgene Pflanzen, transformiert mit einer erfindungsgemäßen Expressionskassette, sowie transgene Zellen, Gewebe, Teile und Vermehrungsgut solcher 15 Pflanzen. Besonders bevorzugt sind dabei transgene Kulturpflanzen, wie z.B. Gerste, Weizen, Roggen, Mais, Hafer, Soja, Reis, Baumwolle, Zuckerrübe, Canola, Sonnenblume, Flachs, Hanf, Kartoffel, Tabak, Tomate, Raps, Alfalfa, Salat und die verschiedenen Baum-, Nuß- und Weinspezies.

20 Pflanzen im Sinne der Erfindung sind mono- und dikotyle Pflanzen oder Algen.

Wie bereits erwähnt ist die HPPD ein geeignetes Target für Herbizide vom Typ der Sulcotrione. Um noch effizientere Hemmstoffe der HPPD finden zu können, ist es notwendig, geeignete 25 Testsysteme, mit denen Inhibitor-Enzym-Bindungsstudien durchgeführt werden können, zur Verfügung zu stellen. Hierzu wird beispielsweise die komplette cDNA-Sequenz der HPPD aus Gerste in einen Expressionsvektor (pQE, Qiagen) kloniert und in *E. coli* 30 überexprimiert.

Das mit Hilfe der erfindungsgemäßen Expressionskassette exprimierte HPPD-Protein eignet sich besonders zur Auffindung von für die HPPD spezifischen Hemmstoffen.

35 Dazu kann die HPPD beispielsweise in einem Enzymtest eingesetzt werden, bei dem die Aktivität der HPPD in An- und Abwesenheit des zu testenden Wirkstoffs ermittelt wird. Aus dem Vergleich der beiden Aktivitätsbestimmungen lässt sich eine qualitative und 40 quantitative Aussage über das Hemmverhalten des zu testenden Wirkstoffes machen.

Mit Hilfe des erfindungsgemäßen Testsystems kann eine Vielzahl von chemischen Verbindungen schnell und einfach auf herbizide 45 Eigenschaften überprüft werden. Das Verfahren gestattet es, reproduzierbar aus einer großen Anzahl von Substanzen gezielt solche mit großer Wirkstärke auszuwählen, um mit diesen Sub-

stanzen anschließend weitere, dem Fachmann geläufige vertiefte Prüfungen durchzuführen.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung sind Herbizide, die mit dem 5 oben beschriebenen Testsystem identifizierbar sind.

Durch Überexpression der für eine HPPD kodierenden Gensequenz Seq ID NO: 1 in einer Pflanze wird eine erhöhte Resistenz gegenüber Inhibitoren der HPPD erreicht. Die derart hergestellten 10 transgenen Pflanzen sind ebenfalls Gegenstand der Erfindung.

Weitere Gegenstände der Erfindung sind:

- Verfahren zur Transformation einer Pflanze dadurch gekennzeichnet, daß man eine erfindungsgemäße Expressionskassette in eine Pflanzenzelle, in Kallusgewebe, eine ganze Pflanze oder Protoplasten von Pflanzen einbringt.
- Verwendung einer Pflanze zur Herstellung pflanzlicher HPPD.
- 15 - Verwendung der erfindungsgemäßen Expressionskassette zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhter Resistenz gegenüber Inhibitoren der HPPD durch verstärkte Expression einer erfindungsgemäßen DNA-Sequenz.
- 20 - Verwendung der erfindungsgemäßen Expressionskassette zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt durch Expression einer erfindungsgemäßen DNA-Sequenz in Pflanzen.
- 25 - Verwendung der erfindungsgemäßen Expressionskassette zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt durch Expression einer erfindungsgemäßen DNA-Sequenz in Pflanzen.
- 30 - Verwendung der erfindungsgemäßen Expressionskassette zur Herstellung eines Testsystems zur Identifizierung von Inhibitoren der HPPD.

Die Erfindung wird durch die nun folgenden Beispiele erläutert, 35 ist aber nicht auf diese beschränkt:

Allgemeine Klonierungsverfahren

Die im Rahmen der vorliegenden Erfindung durchgeführten Klonierungsschritte wie z.B. Restriktionsspaltungen, Agarose-Gel-elektrophorese, Reinigung von DNA-Fragmenten, Transfer von Nukleinsäuren auf Nitrozellulose und Nylonmembranen, Verknüpfen von DNA-Fragmenten, Transformation von *E. coli* Zellen, Anzucht von Bakterien, Vermehrung von Phagen und Sequenzanalyse rekombinanter DNA wurden wie bei Sambrook et al. (1989) Cold Spring

Harbor Laboratory Press; ISBN 0-87969-309-6) beschrieben durch- geführt.

Die im folgenden verwendeten Bakterienstämme (*E. coli*, XL-I Blue) 5 wurden von Stratagene bzw. Pharmacia im Fall von NP66 bezogen. Der zur Pflanzentransformation verwendete Agrobakterienstamm (Agrobacterium tumefaciens, C58C1 mit dem Plasmid pGV2260 oder pGV3850 kann) wurde von Deblaere et al. in (Nucl. Acids Res. 13 (1985) 4777) beschrieben. Alternativ können auch der Agrobakte- 10 rienstamm LBA4404 (Clontech) oder andere geeignete Stämme einge- setzt werden. Zur Klonierung können die Vektoren pUC19 (Yanish- Perron, Gene 33 (1985), 103 - 119) pBluescript SK- (Stratagene), pGEM-T (Promega), pZero (Invitrogen), pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984), 8711 - 8720) und pBinAR (Höfgen und Will- 15 mitzer, Plant Science 66 (1990) 221 - 230) benutzt werden.

Sequenzanalyse rekombinanter DNA

Die Sequenzierung rekombinanter DNA-Moleküle erfolgte mit einem 20 Laserfluoreszenz-DNA-Sequenziert der Firma Licor (Vertrieb durch MWG Biotech, Ebersbach) nach der Methode von Sanger (Sanger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74 (1977), 5463 - 5467).

Erzeugung pflanzlicher Expressionskassetten

25 In das Plasmid pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. (1984) 12, 8711) wurde ein 35S CaMV Promotor als EcoRI-KpnI-Fragment ent- sprechend den Nukleotiden 6909 - 7437 des Cauliflower-Mosaik- Virus (Franck et al. Cell 21 (1980) 285) inseriert. Das Polyade- 30 nylierungssignal des Gens 3 der T-DNA des Ti-Plasmides pTiACH5 (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984) 835), Nukleotide 11749 - 11939 wurde als PvuII-HindIII-Fragment isoliert und nach Addition von SphI-Linkern an die PvuII-Schnittstelle zwischen die SphI-HindIII Schnittstelle des Vektors pBmAR-Hyg kloniert. Es entstand das 35 Plasmid pBinAR (Höfgen und Willmitzer, Plant Science 66 (1990) 221 - 230).

Anwendungsbeispiele

40 Beispiel 1

Isolierung von HPPD-spezifischen cDNA Sequenzen

Mit Hilfe der von Liang und Pardee (Science (1992) 257, 967 - 45 972) publizierten Methode der DDRT-PCR wurde die Zusammensetzung der mRNA-Population aus Primärblättern von neun Tage in einem L/D-Wechsel (16 h Licht/ 8 h Dunkel) angezogenen Gerstenpflanzen

verglichen mit der von Primärblättern 11 Tage alter Gerstenpflanzen, in denen nach neun Tagen Anzucht anschließend Seneszenz durch zweitägige Dunkelbehandlung induziert wurde (Humbeck und Krupinska, J. Photochem. Photobiol. 36 (1996), 321 - 326).

5 Jeweils 0,2 µg der gesamten RNA wurde mit dem Enzym "Superskript RT" (Gibco BRL, Eggenstein) in cDNA umgesetzt. Dabei enthielten die Reaktionsansätze (20 µl) neben der RNA außerdem 20 µM dNTPs, 10 µM DTT, 1xRT-Puffer und je 1 µM (dT)₁₂VN-Primer. Die Synthese der für diese Reaktionen erforderlichen Anker- "Primer" erfolgte
10 aufgrund der Angaben von Liang und Pardee:

1. 5'-TTTTTTTTTTTAG-3'
2. 5'-TTTTTTTTTTCA-3'
3. 5'-TTTTTTTTTTTAC-3'
- 15 4. 5'-TTTTTTTTTTGT-3'

Nach Synthese der cDNAs erfolgte die Amplifikation der entsprechenden Sequenzen in jeweils zehn Ansätzen, die sich durch Verwendung der im folgenden angegebenen Zufalls- "Primer" unter-
20 scheiden:

1. 5'-TACAACCGAGG-3'	2. 5'-GGAACCAATC-3'
3. 5'-AAACTCCGTC-3'	4. 5'-TGGTAAAGGG-3'
5. 5'-CTGCTTGATG-3'	6. 5'-GTTTTCGCAG-3'
25 7. 5'-GATCTCAGAC-3'	8. 5'-GATCTAACCG-3'
9. 5'-GATCATGGTC-3'	10. 5'-GATCTAAGGC-3'

Die PCR-Reaktionsansätze enthielten in einem Volumen von jeweils 20 µl 1xPCR-Puffer, 2 µM dNTPs, 2,5 µCi (α ³³P)-dATP, 1 µM
30 (dT)₁₂VN- "Primer", 1/10 Vol. RT-Mix (Sambrook et al. Molecular Cloning - A Laboratory Manual, 1989), 1 U Taq DNA-Polymerase (Boehringer, Mannheim) und 1 µM 10-mer Zufalls- "Primer". Die PCR-Reaktionen liefen nach folgendem Programm in einem Uno-Block (Biometra) ab:

35

1. 94°C 2 min
2. 94°C 30 s
3. 40°C 2 min
4. 72°C 30 s
- 40 5. 72°C 5 min
6. 4°C Aufbewahrung bis zur weiteren Bearbeitung

Die Schritte 2, 3 und 4 wurden 40-mal nacheinander durchgeführt. Dabei ergaben sich etwa 100 cDNA-Banden pro Reaktion und
45 "Primer"-Kombination.

Abweichend von der Vorschrift von Liang und Pardee erfolgte die Auftrennung der amplifizierten cDNA-Fragmente in nichtdenaturierenden Polyacrylamidgelen folgender Zusammensetzung: 6 % (w/v) Acrylamid (Long Ranger, AT Biochem), 1,2 x TBE-Puffer, 0,005 % 5 (v/v) TEMED und 0,005 % (w/v) APS (Bauer et al, Nucl. Ac. Res. (1993) 21, 4272 - 4280).

Je 3,5 µl jedes PCR-Ansatzes wurden mit 2 µl Probenpuffer (dye II, Sambrook et al., 1989) versetzt und dann auf das Gel aufgetragen.

10 Um die Reproduzierbarkeit der cDNA-Bandenmuster zu erfassen (Abb. 5), wurden von an den Tagen 9 und 11 geernteten Primärblättern der Gerste jeweils zwei unabhängige RNA-Präparationen angefertigt (9 und 9' bzw. 11 und 11') und parallel in der nachfolgenden Analyse eingesetzt. Dargestellt ist das Ergebnis für zwei 15 verschiedene Primerkombinationen (A und B), wobei exemplarisch zwei Unterschiede im Bandenmuster zwischen der Probe von Tag 9 und 11 durch Pfeile hervorgehoben wurden. Nur solche Banden, die in den beiden Proben aus seneszierenden Pflanzen gleichermaßen und in den beiden Vergleichsproben nicht vorkamen, wurden bei der 20 späteren Analyse der Gele beachtet. Die Elektrophorese erfolgte über einen Zeitraum von 2,5 h bei 40 Watt (0,8 W/cm²) in 1 x TBE-Puffer. Nach erfolgter Trennung der cDNA-Fragmente wurde das Gel auf Filterpapier (Schleicher & Schüll, Dassel) übertragen. Nach Trocknung des Gels bei 50°C wurde ein Röntgenfilm aufgelegt. cDNA- 25 Banden, die im Autoradiogramm nur bei den Proben 11 und 11' auftraten, wurden mittels eines Skalpells aus dem trockenen Gel herausgeschnitten und die DNA durch Kochen in 100 µl 1 x TE-Puffer eluiert. Die mit Ethanol gefällte DNA wurde für die weiteren Untersuchungen in 10 µl Wasser resuspendiert. Nach Reamplifikation 30 mit den für diesen Ansatz zuvor verwendeten "Primern" konnte die DNA kloniert und sequenziert sowie auch als Sonde für Northern-Blot-Hybridisierungen eingesetzt werden.

Um zu prüfen, ob das entsprechende cDNA-Fragment tatsächlich ein 35 seneszenzspezifisch auftretendes Transkript repräsentiert, erfolgten Hybridisierungen mit RNA aus Blättern verschiedener Entwicklungsstadien:

A. 1. RNA aus Primärblättern von 9 Tage im L/D-Wechsel 40 angezogenen Pflanzen

A. 3. RNA aus Primärblättern von 10 Tage alten Pflanzen, bei deren Anzucht am Tag 10 die Lichtphase ausfiel

45 A. 4 RNA aus Primärblättern von 11 Tage alten Pflanzen, die am Tag 10 und 11 keine Lichtphase mehr hatten

A. 5 RNA aus Primärblättern von 12 Tage alten Pflanzen, die nach 2 Tagen Dunkelheit wieder eine Lichtphase erfahren haben

5 Die Proben für die RNA-Analyse wurden jeweils in der Mitte der ursprünglichen Nachtpause geerntet.

B. RNA aus Fahnenblättern, die zu sieben verschiedenen Zeitpunkten im Freiland gesammelt wurden (Abb. 6). Die 10 Blätter waren am 29. Mai voll ausgewachsen und wiesen am 21. Juni weniger als 10 % des ursprünglichen Chlorophyllgehalts auf. Der Beginn der Seneszenzprozesse ist in Abbildung 6 durch einen Pfeil angegeben (d.h. 17 Tage nach Erreichen der vollen Länge am 15. Juni). Als Seneszenzbeginn wurde der Tag definiert, an dem die Photosystem 15 II-Effizienz abnahm (Humbeck et al., Plant Cell Environment (1996) 19: 337 - 344).

Zur Hybridisierung eines Filters mit den beschriebenen RNA-Proben 20 wurde neben der HPPD-Sonde zum Vergleich auch eine spezifische Sonde für das *rbcS*-Gen, das für die kleine Untereinheit der Ribulose-1,5-bisphosphat-Carboxylase kodiert, eingesetzt. Abbildung 6 zeigt die Hybridisierung der "Nothern-Blots" A und B mit der cDNA HvSD36 und einer für das *rbcS*-Gen spezifischen Sonde. 25 Filter A trägt RNA aus Primärblättern der Gerste nach 9 Tagen Anzucht im L/D-Wechsel (9), nach anschließender ein- bzw. zweitägiger Dunkelinkubation (10, 11) und nach daran anschließender erneuter Belichtung für einen Tag (12). Filter B enthält RNA aus Fahnenblättern, die 1992 im Zeitraum vom 29.05. bis 21.06. im 30 Freiland geerntet wurden. Der Pfeil gibt den Beginn der Sequenz am 15.06. an. Wie aus der Abbildung 6 ersichtlich, ist die Menge an *rbcS*-spezifischer mRNA dann hoch, wenn die Menge an der für die HPPD spezifischen mRNA relativ gering ist. Die für die HPPD spezifische mRNA ist in Primärblättern neun Tage alter Pflanzen 35 vor dem Transfer ins Dunkel nicht nachweisbar und akkumuliert deutlich während der Dunkelphase. Bei Wiederbelichtung der Pflanzen nimmt die Menge an dieser mRNA deutlich ab. Im Fall der Fahnenblätter sind bereits in voll ausgewachsenen, nicht seneszenten Blättern geringe Mengen der für die HPPD spezifischen mRNA nachweisbar. Zu einer verstärkten Expression kommt es bereits 4 Tage 40 vor dem eigentlichen Seneszenzbeginn. Die höchste Menge dieser mRNA liegt in seneszenten Blättern vor. Ein Größenvergleich mit bekannten RNA-Spezies ergab, daß das mit der cDNA-Sonde HvSD36 (S: Seneszenz; D:Dunkel, Fragmentnummer 36 im DDRT-Gel) detektierte Transkript eine Länge von ca. 1,6 kb aufweist. 45

Durch DDRT-PCR wurden unabhängig voneinander drei cDNA-Fragmente erhalten, die dieses Expressionsmuster ergaben und aufgrund der Sequenzanalyse tatsächlich dasselbe Transkript repräsentieren. Das längste Fragment hatte eine Größe von 230 bp. Das 230 bp 5 große PCR-Produkt wurde schließlich mit dem "Sure Clone™ Ligation Kit" (Pharmacia, Freiburg) nach den Angaben des Herstellers in die SmaI-Schnittstelle des Vektors pUC18 kloniert. Das rekombinante Plasmid wurde in kompetente Zellen des *E. coli*-Stamms DH5 α transformiert. Da das Fragment, methodisch bedingt, 10 das 3'-Ende des zugehörigen Transkripts repräsentiert, reichte die Sequenzinformation zunächst nicht aus, um eine eindeutige Homologie mit einer Sequenz in den Datenbanken ausfindig zu machen. Um eine längere zugehörige cDNA zu isolieren, wurde eine 15 Lambda ZAPII-Bank (Stratagene, Heidelberg) aus RNA senescenter Fahnenblätter unter Verwendung des 230 bp großen Fragments als Sonde durchmustert. Für diesen Arbeitsschritt erfolgte eine Markierung der Sonde mit Dig-dUTP nach Angaben des "DNA-Labeling and Detection Kit" (Boehringer, Mannheim). Die Untersuchung der 20 Bank erfolgte nach dem Protokoll des "ZAP-cDNA Synthesis Kit" (Stratagene, Heidelberg).

Im Fall der hier beschriebenen Sonde wurden 150.000 pfu überprüft. Davon gaben 39 Phagenplaques ein positives Signal. Davon wurden 12 Phagenpopulationen weiter bearbeitet. Nach einer Phagenpräparation konnten die inserierten Fragmente über PCR angereichert und elektrophoretisch aufgetrennt werden. Durch Southern-Blot Hybridisierung mit der HvSD36-Sonde wurden aus den so behandelten 12 Phagenpopulationen diejenigen ausgewählt, die die größten "Inserts" mit positivem Signal aufwiesen. Nach erneutem 25 Ausplattieren wurden die Phagen einer weiteren Hybridisierung unterzogen. Vereinzelte Phagenplaques wurden ausgestochen und nach Elution unter Verwendung eines Helperphagen einer *In vivo* Excision nach dem Protokoll von Stratagene (Exassist™ Interference-Resistant Helper Phage with SOLR™ Strain) unterzogen. Die 30 aus dieser Behandlung hervorgehenden sogenannten "Phagemide" enthalten die im pBLUESKRIPT (SK-) klonierte cDNA.

Nach einer anschließenden Plasmidpräparation konnte das betreffende "Insert" mit EcoRI aus dem Bluescript-Plasmid herausgeschnitten werden. Der im Fall der HvSD36 cDNA erhaltene cDNA-Klon 40 enthält ein "Insert" mit einer Größe von ca. 800 bp. Die vollständige Sequenzierung der cDNA erfolgte mit dem "SequiTherm Excel Long-Read DNA-Sequenzierungs-Kit" (Epicentre Technologies, Biozym Diagnostic, Oldendorf) unter Verwendung von mit IRD41 45 markierten Universal-Primern, die an Sequenzbereiche im Bluescript-Vektor binden. Die Detektion der DNA-Fragmente erfolgte über den Infrarotlaser des automatischen Sequenzierers 4000L

der Firma Licor. Nach Sequenzierung lag eine genau 759 bp lange Sequenz vor, die an den Seiten von einer jeweils 14 bp langen Adaptorsequenz flankiert ist. Diese Adaptorsequenzen dienten bei der Herstellung der cDNA-Bank zur Ligation der cDNA-Fragmente mit 5 den Armen des Phagen Lambda ZAPII (Stratagene, Heidelberg).

Die Proteinsequenz HvSD36, die insgesamt über 180 Aminosäuren verfügt, weist unter den in den Datenbanken befindlichen Sequenzen mit 41 % die höchste Homologie zur Sequenz der HPPD 10 des Menschen auf. In Anbetracht der Länge des im "Northern-Blot" detektierten Transkripts (ca. 1600 nt) ist anzunehmen, daß von der cDNA noch 850-900 bp fehlen.

Zur Vervollständigung der cDNA wurde eine weitere cDNA Bank untersucht. Aus dem basalen meristematischen Bereich 5 Tage alter Gerstenkeimlinge wurde mit Hilfe von "Dynabeads" (Dynal, Hamburg) mRNA isoliert und mit dem "Time Saver cDNA SyntheseKit" (Pharmacia, Freiburg) in cDNA überschrieben. Es folgte eine Ligation von EcoRI/NotI-Adaptoren (Pharmacia, Freiburg) an die cDNA mit 20 anschließender Ligation in den Lambda ExCell Vektor (Pharmacia, Freiburg). Schließlich wurde die rekombinante Phagen-DNA mit Hilfe des "Gigapack II Gold Set" (Stratagene, Heidelberg) in Phagenproteine verpackt. Mit der 759 bp langen Sonde HvSD36 wurden 400000 pfu überprüft, wobei 5 Phagen von der Sonde 25 detektiert wurden. Eine Excision der "Phagemids" aus dem Phagen erfolgte *in vivo* mit Hilfe des Bakterienstamms NP66 nach den Angaben von Pharmacia (Freiburg). Aus einzelnen Bakterienkolonien wurden die rekombinanten pExCell-Plasmide isoliert und zur Vermehrung in den Bakterienstamm D115 α überführt.

30

Der längste auf diesem Weg isolierte cDNA-Klon HvSD36 hat eine Länge von 1565 bp und wurde vollständig sequenziert (siehe Sequenzprotokoll).

35 Beispiel 2

Charakterisierung der genomischen Sequenz

Zur Auffindung eines genomischen Klones, der die Gensequenz der 40 HPPD beinhaltet, wurde eine Lambda FIXII-Bank der Gerste von der Firma Stratagene (Heidelberg) bezogen. Zur Herstellung der Bank diente DNA aus etiolierten Blättern der Wintergerste cv. Igri. Die DNA wurde partiell mit Sau3AI verdaut. Vor der Klonierung in die XhoI-Schnittstelle des Vektors erfolgte eine Auffüllung der 45 Fragmentenden und der Phagenarme mit Nukleotiden. Die Durchmusterung der Bank mit 200.000 pfu in der ersten Runde ergab nur einen Klon, der mit der cDNA HvSD36 hybridisierte. Nach

Restriktionsverdau dieses rekombinanten Phagen mit PstI und SacI konnten anschließend Fragmente mit Größen von 5400, 3800 und 1800 bp isoliert werden, die bei einer "Southern"-Blot-Hybridisierung mit der HvSD36-Sonde detektierbar sind. Diese Subfragmente liegen kloniert im Bluescript-Vektor vor.

Die Durchmusterung der Bank erfolgte nach der für die HybondN-Membran angegebenen Vorschrift. Die Markierung der Sonde für die Durchmusterung der Bank sowie für "Southern"-Blot-Hybridisierungen erfolgte über "Random Priming" mit ^{32}P -dATP unter Verwendung des Klenow-Enzyms (Sambrook et al., (1989) Molecular cloning. A laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory, New York).

Es wurde ein genomischer "Southern-Blot" mit gesamter DNA aus 15 Gerste (Carina) durchgeführt (Abb. 7). Je 15 μg DNA wurden mit BamHI (B), EcoRI (E), HindIII (H) oder XbaI (X) verdaut und in einem 0.75 % Agarose Gel aufgetrennt. Nach Transfer auf eine Hybond N+ Membran (Amersham, Braunschweig) erfolgte eine Hybridisierung mit der unvollständigen 759bp langen cDNA Sonde von 20 HvSD36 nach Angaben des Herstellers der Membran. Dabei konnten folgende Fragmente detektiert werden:

BamHI: 6.0, 3.9 und 3.0 kbp
 EcoRI: >10kbp
 25 HindIII: 8.3, 2.6, 1.1 und 1.0 kbp
 XbaI: 9.0, 5.2 und 4.2kbp

Die Längen der Fragmente wurden durch Vergleich mit einem DNA-Größenstandard (Kb-Leiter von GibcoBRL, Eggenstein) abgeschätzt.

30

Beispiel 3

Homologievergleich der Proteinsequenz von HvSD36

35 Ein Vergleich der Proteinsequenz von HvSD36 mit Proteinsequenzen in den Datenbank ergab Homologien zu folgenden bisher bekannten Proteinsequenzen:

	10	20	30	40	50
40 HPPD_Hv	MP	PTPTTPAATG
HPPD_Ath	MGHQNA	VSENQNHDDG
HPPD_HUMAN
HPPD_RAT
HPPD_PIG
45 HPPD_MOUSE
HPPD_PSESP
MELA_SHECO
PEA3_MOUSE	MTKSSHNCL	LRPENKPGLW	GPGAQAAASLR	PSPATLVVSS	PGHAEHPPAA

24

	60	70	80	90	100	
5	HPPD_Hv	AAAAAVTPEHA	RPHRMVRFPNP	RSDRFHTLSF	HHVEFWCADA	ASAAGRFAFA
	HPPD_Ath	AASSPGFKLV	GFSKFVRKNP	KSDKFVKVRF	HHIEFWCGDA	TNVARRFWWG
	HPPD_HUMAN	M TTYSDKGAKP	ERGRFLH--F	HSVTFWVGNA	KQAASFYCSK	
	HPPD_RAT	YWDKGPKP	ERGRFLH--F	HSVTFWVGNA	KQAASFYCNK	
5	HPPD_PIG	M TSYSDKGEKP	ERGRFLH--F	HSVTFWVGNA	KQAASFYCSK	
	HPPD_MOUSE	M TTYNKNGPKP	ERGRFLH--F	HSVTFWVGNA	KQAASFYCNK	
	HPPD_PSESP	ADLYENP	MGLMGFEFIE	LASPTPNTLE		
	MELA_SHECO	MASEQNP	LGLLGIEFTE	FATPDLDFMH		
	PEA3_MOUSE	PAQTPGPQVS	ASARGPGPVA	GGSGRMERRM	KGGYL---DQ	RVPYTFCSKS
10	HPPD_Hv	110	120	130	140	150
	HPPD_Ath	LGAPLAARSD	LSTGNSAHAS	QLLRSGSLAF	LFT--APYAN	G-CDAA----
	HPPD_HUMAN	LGMRFSAKSD	LSTGNMVHAS	YLLTSGDLRF	LFT--APYSP	S-LSAGEIKP
	HPPD_RAT	MGFEPLAYRG	LETGSREVVS	HVIKQGKIVF	VLS--SA--	-----LNP
	HPPD_PIG	MGFEPLAYKG	LETGSREVVS	HVIKQGKIVF	VLC--SA--	-----LNP
	HPPD_MOUSE	IGFEPLAYKG	LETGSREVVS	HVIKQGKIVF	VFS--SA--	-----LNP
15	HPPD_PSESP	MGFEPLAYRG	LETGSREVVS	HVIKRGKIVF	VLC--SA--	-----LNP
	MELA_SHECO	PIPEIMGFTK	VATHRSKDV-	HLYRQGAINL	ILN--NE--	-----
	PEA3_MOUSE	KVFIDFGFSK	LKKHKQKDI-	VVVKQNDINF	LLN--NE--	-----
		PGNGSLGEAL	MVPQGKLMDP	GSLPPSDSED	LFQDLSHFQE	TWLAEAQVPD
20	HPPD_Hv	160	170	180	190	200
	HPPD_Ath	--TASLPSFS	ADAARRFSAD	HGIAVRVAL	RVADAAEAFR	ASRRRGARPA
	HPPD_HUMAN	TTTASIPSF	HGSRSFFSS	HGLGVRAAI	EVEDAESAFS	ISVANGAIPS
	HPPD_RAT	-----WN	KEMGDHL-VK	HGDGVKDI	EVEDCDYIVQ	KARERGAKIM
	HPPD_PIG	-----WN	KEMGDHL-VK	HGDGVKDI	EVEDCEHIVQ	KARERGAKIV
	HPPD_MOUSE	-----WN	KEMGDHL-VK	HGDGVKDI	EVEDCDYIVQ	KARERGAIIV
	HPPD_PSESP	-----WN	KEMGDHL-VK	HGDGVKDI	EVEDCDHIVQ	KARERGAKIV
	MELA_SHECO	-----P	HSVASYFAAE	HGPSVCGMAF	RVKDSQKAYK	RALELGAQPI
25	PEA3_MOUSE	-----K	QGFSAQFAKT	HGPAISSMGW	RVEDANFAFE	GAVARAKPA
		SDEQFVPDFH	---SENLAFH	SPTTRIKKEP	QSPRTDPALS	CSRKPPLPYH
30	HPPD_Hv	210	220	230	240	250
	HPPD_Ath	FAPV-----	DLGRG	FAFAEVELYG	--DVVLRFVS	HP--DG--TD
	HPPD_HUMAN	SPPI-----	VLNEA	VTIAEVKLYG	--DVVLRYVS	YKAEDT--EK
	HPPD_RAT	REP-----	WVEQDKFGK	VKFAVLQTYG	--DTHTLVE	KMN-----YI
	HPPD_PIG	REP-----	WVEEDKFGK	VKFAVLQTYG	--DTHTLVE	KIN-----YT
	HPPD_MOUSE	REEVC-CAAD	VRGHHTPLDR	AR----QVWE	--GT--LVE	KMT-----FC
	HPPD_PSESP	REP-----	WVEQDKFGK	VKFAVLQTYG	--DTHTLVE	KIN-----YT
	MELA_SHECO	HI-----	ETGPME	LNLPAIKIG	--GAPLYLID	RFGEGLSSIIYD
	PEA3_MOUSE	AD-----	EV--KD	LPYPAIYIGIG	--DSLIYFID	TFGDDNNIYT
		HGEQCLYSRQ	IAIKSPAPGA	PGQSPLQPFS	RAEQQQSLLR	ASSSSQSHPG
35	HPPD_Hv	260	270	280	290	300
	HPPD_Ath	VPFLPGFEGV	TNPDA-----	VVDYGLTRFDH	VVGNVP--EL	-APAAAYIAG
	HPPD_HUMAN	SEFLPGFERV	EDASSF--P	LDYGINRLDH	AVGNVP--EL	-GPALTYVAG
	HPPD_RAT	GQFLPGYEAP	AFMDPLLPKL	PKCSLEIMDH	IVGNQPDQEM	-VSASEW---
	HPPD_PIG	GRFLPGFEAP	TYKDTLLPKL	PSCNLEIIDH	IVGNQPDQEM	-ESASEW---
40	HPPD_MOUSE	LDSRPQPSQT	LLHRLRLLSKL	PKCGLEIIDH	IVGNQPDQEM	-ESASQW---
	HPPD_PSESP	GRFLPGFEAP	TYKDTLLPKL	PRCNLEIIDH	IVGNQPDQEM	-QSASEW---
	MELA_SHECO	IDFV--FLEG	VDRHPVGA--	GLKIIDH	LTHNVYRGRM	-A---YWANF
	PEA3_MOUSE	SDF----EA	LDEPIITQ--	EKGFIEVDH	LTNNVHKGT	-E---YWSNF
		HGYLGEHSSV	FQQPVDMCHS	FTSPQGGGRE	PLPAPYQHQL	SEPCPPYPQQ
45	HPPD_Hv	310	320	330	340	350
	HPPD_Ath	FT---GFHEF	AEFTAEDVGT	TESGLNSVVL	ANNSEGVL	LNEPVHGTR
	HPPD_HUMAN	FT---GFHQF	AEFTADDVGT	AESGLNSAVL	ASNDEMVL	INEPVHGTR
	HPPD_RAT	YLNKLQFHRF	WSVDDTQVHT	EYSSLRSIVV	ANYEESIKMP	INEPAPG-KK
	HPPD_PIG	YLNKLQFHRF	WSVDDTQVHT	EYSSLRSIVV	ANYEESIKMP	INEPAPG-RK
		YMRNLQFHRF	WSVDDTQIHT	EYSALRSVVM	ANYEESIKMP	INEPAPG-KK

HPPD_MOUSE	YLKNLQFHRF	WSVDDTQVHT	EYSSLRSIVV	TNYEESIKMP	INEPAPG-RK
HPPD_PSESP	YEKLFNFREI	RYF---DIKG	EYTGLTSKAM	TAPDGMIRIP	LNE--ESSKG
MELA_SHECO	YKDIFGFTEV	RYF---DIKG	SQTALISYAL	RSPDGSFCIP	INE--GKGDD
PEA3_MOUSE	NFKQ-EYHDP	LYEQAGQPAS	SQGGVSGHRY	PGAGVVIKQE	RTDFAYDSDV
360 370 380 390 400					
5 HPPD_Hv	RSQIQTGLEH	HGGPGVQH-I	AVASSDVLRT	LRKMRARSAM	GGFDLPPPL
HPPD_Ath	KSQIQTYLEH	NEGAGLQH-L	ALMSEDIFRT	LREMRKRSSI	GGDFMPSPP
HPPD_HUMAN	KSQIQEYVDY	NGGAGVQH-I	ALKTEDIITA	IRHLRER---	-GLEFLSVP-
HPPD_RAT	KSQIQEYVDY	NGGAGVQH-I	ALRTEDIITT	IRHLRER---	-GMEFLAVP-
HPPD_PIG	KSQIQEYVDY	NGGAGVQH-I	ALKTEDIITA	IRSLRER---	-GVEFLAVP-
HPPD_MOUSE	KSQIQEYVDY	NGGAGVQH-I	ALKTEDIITA	IRHLRER---	-GTEFLAAP-
10 HPPD_PSESP	AGQIEEFLMQ	FNGEGIQH-V	AFLSDDLIKT	WDHLKSI---	-GMRFMTAPP
MELA_SHECO	RNQIDEYLKE	YDGPVGQH-L	AFRSRDIVAS	LDAMEGS---	-SIQTLDIIP
PEA3_MOUSE	PGCASYLHP	EGFSGPSPGD	GVMGYGYEKS	LRPFPDDVCI	VPKKFEGDIK
410 420 430 440 450					
HPPD_Hv	PKYYEGVRRL	AGD--VLSEA	QIKECQELGV	LVDRDDQG--	--VLL----
15 HPPD_Ath	PTYYQNLKKR	VGD--VLSDD	QIKECEELGI	LVDRDDQG--	--TLL----
HPPD_HUMAN	STYYKQLREK	LKTAKIKVKE	NIDALEELKI	LVDYDEKG--	--YLL----
HPPD_RAT	SSYYRLLREN	LKTISKIQVKE	NMDVLEELKI	LVDYDEKG--	--YLL----
HPPD_PIG	FTYYKQLQEK	LKSAKIRVKE	SIDVLEELKI	LVDYDEKG--	--YLL----
HPPD_MOUSE	SSYYKLLREN	LKSAKIQVKE	SMDVLEELHI	LVDYDEKG--	--YLL----
HPPD_PSESP	DTYYEMLEGR	LPN---HGE	PVGELQARGI	LLDGSSSESGD	KRLLL----
MELA_SHECO	E-YYDTIFEK	LPQ---VTE	DRDRRIKHHQI	LVDGDEDG--	--YLL----
20 PEA3_MOUSE	QEGIGAFREG	PPYQR----	-RGALQLWQF	LVALLDDPTN	AHFIAWTGRG
460 470 480 490 500					
HPPD_Hv	QIFTKPVGDR	PTLFLEMIQR	IGCMEKDERG	EE----YQKG	GCGGFGKGNF
HPPD_Ath	QIFTKPLGDR	PTIFIEIIQR	VGCMMKDEEG	KA----YQSG	GCGGFGKGNF
HPPD_HUMAN	QIFTKPVQDR	PTLFLEVIQR	HNHQ-----	-----	GFGAGNF
25 HPPD_RAT	QIFTKPMQDR	PTLFLEVIQR	HNHQ-----	-----	GFGAGNF
HPPD_PIG	QIFTKPMQDR	PTVFLEVIQR	NNHQ-----	-----	GFGAGNF
HPPD_MOUSE	QIFTKPMQDR	PTLFLEVIQR	HNHQ-----	-----	GFGAGNF
HPPD_PSESP	QIFSETLMGP	--VFFEFIQR	-----KGDD-	-----	GFGEGNF
MELA_SHECO	QIFTKNLFGP	--IFIEIIQR	-----KNNL-	-----	GFGEGNF
PEA3_MOUSE	MEFKLIEPEE	VARLWGIQKN	RPAMNYDKLS	RSLRYYYEKG	IMQKVAGERY
510 520 530 540 550					
30 HPPD_Hv	-----SE	LFK-SIE-DY	--EKS--LEA	KQSAAV-QGS	
HPPD_Ath	-----SE	LFK-SIE-EY	--EKT--LEA	KQLVG	
HPPD_HUMAN	-----NS	LFK-AFEEEQ	--NLRGNLTN	METNGVPGM	
HPPD_RAT	-----NS	LFK-AFEEEQ	--ALRG		
HPPD_PIG	-----NS	LFK-AFEEEQ	--ELRGNLTD	TDPNGVPFRL	
35 HPPD_MOUSE	-----NS	LFK-AFEEEQ	--ALRGNLTD	LEPNNGVRSGM	
HPPD_PSESP	-----NS	LFE-SIERDQ	--VRRGVNST	-D	
MELA_SHECO	-----NS	LFE-SIERDQ	--VRRGVL		
PEA3_MOUSE	VYKFVCEPEA	LFSLAFTPQ	RPALKAEFDR	PVSEEDTVPL	SHLDESPAYL
560 570					
40 HPPD_Hv	PELTGPAPPF	GHRGGYSY			
HPPD_Ath					
HPPD_HUMAN					
HPPD_RAT					
HPPD_PIG					
HPPD_MOUSE					
HPPD_PSESP					
45 MELA_SHECO					
PEA3_MOUSE					

26

Erläuterung: HPPD_Hv: *Hordeum vulgare* 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HvSD36)
 HPPD_Ath: *Arabidopsis thaliana* 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase
 5 HPPD_HUMAN: *H.sapiens* 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase
 HPPD_PIG: Pig 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase
 HPPD_RAT: Rat F alloantigen
 HPPD_MOUSE: Mouse 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase
 10 MELA_SHECO: *S. colwelliana* melA protein
 HPPD_PSESP: *Pseudomonas* sp. (strain P.J.874)
 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase
 PEA3_MOUSE: *Mus musculus* (mouse) PEA3 polypeptide
 15 Die größte Homologie wurde zu der *Arabidopsis* Sequenz gefunden mit 58 % über die gesamte Sequenz (62 % über 412 As), gefolgt von HPPD_RAT mit 35 % (über 365 As), HPPD_HUMAN 34 % (über 365 AS), HPPD_MOUSE 34 % (über 371 As).
 20

Beispiel 4
 Anzucht von Gerste (*Hordeum vulgare*)

25 Gerstensetzlinge (*Hordeum vulgare* L.,cv. Carina, Ackermann Saat-zucht, Irbach, Germany) wurden über einen Zeitraum von 15 Tagen unter kontrollierten Bedingungen in der Klimakammer in sogenannten Mitscherlich-Töpfen in Erde, die 4 g pro Liter Osmocote 5M (Urania, Hamburg, Germany) enthielt, angezogen. Um einheitliches 30 Wachstum sicherzustellen, wurden die Samen auf feuchtem Filterpapier im Dunkeln für 2 Tage bei 4°C und 1 Tag bei 21°C ausgekeimt und nur solche Setzlinge eingesetzt, die gleiches Längenwachstum der Primärwurzel zeigten. Nach dem Transfer dieser Setzlinge auf Erde wurden diese mit 1.5 cm gesiebter Erde bedeckt. Danach wurden 35 den die Pflanzen über 9 Tage bei 16 Stunden Licht ($120 \mu\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$) und 8 Stunden Dunkelheit verbunden mit einem Temperaturschiff (21°C bei Tag, 16°C bei Nacht) inkubiert. Um Seneszenz zu induzieren, werden die Pflanzen nach 9 Tagen für 2 Tage (Tag 10 und 11) im Dunkeln bei der obengenannten Temperatur gehalten.

40 Beispiel 5
 Anzucht von Tabak

Die Tabakpflanzen wurden nach bekannter Methode angezogen. Die 45 verwendete Tabaksorte ist *Nicotiana tabacum*, cv. Xanthi.

27

Beispiel 6
Transformation von Tabak

Die erfindungsgemäße Expressionskassette enthaltend das HPPD-Gen 5 mit der Sequenz 1 wurde in den Vektor pBinAR-Hyg kloniert (Abb. 4). Mit diesem Vektor wurden Tabakpflanzen gemäß Beispiel 5 anschließend nach bekannter Methode transformiert.

Beispiel 7
10 Steigerung der Tocopherolbiosynthese in Tabak

Die cDNA der HPPD wurde mit einem CaMV35S-Promotor versehen und in Tabak unter Verwendung des 35S-Promotors überexprimiert. Parallel dazu wurde der samenspezifische Promotor des Phaseolin-15 genes verwendet, um den Tocopherolgehalt spezifisch im Tabaksamen zu erhöhen. Mit den entsprechenden Konstrukten transformierte Tabakpflanzen wurden im Gewächshaus angezogen. Anschließend wurde der α -Tocopherolgehalt der Gesamtpflanze bzw. der Samen 20 der Pflanze bestimmt. In allen Fällen war die α -Tocopherol- konzentration im Vergleich zur nicht transformierten Pflanze erhöht.

25

30

35

40

45

SEQUENZPROTOKOLL

(1) ALGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: BASF AG
- (B) STRASSE: Carl Bosch
- (C) ORT: Ludwigshafen
- (D) BUNDESLAND: Germany
- (F) POSTLEITZAHL: 67056
- (G) TELEPHON: 0621-60-52698

(ii) ANMELDETITEL: HPPD Sequenz aus Gerste

(iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 2

(iv) COMPUTER-LESBARE FORM:

- (A) DATENTRÄGER: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPA)

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 1565 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Doppel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: cDNS

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTISENSE: NEIN

(vi) URSPRÜNLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: hppd aus Gerste
- (D) ENTWICKLUNGSSTADIUM: senescence

(vii) UNMITTELBARE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: lambda FIXII-Bank der Gerste
- (B) CLON: pHvSD36.seq

(ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
- (B) LAGE: 9..1313

(x) VERÖFFENTLICHUNGSGEINFORMATION:

- (A) AUTORS: Krupinska, Karin
- (B) TITEL: Overexpression of HPPD
- (C) ZEITSCHRIFT: overexpression of HPPD

(G) DATUM: 1998

(K) BELANGREICHE RESTE IN SEQ ID NO: 1: VON 1 BIS 1565

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

CGCACACC ATG CCG CCC ACC CCC ACC ACC CCC GCG GCT ACC GGC GCC GCC	50
Met Pro Pro Thr Pro Thr Thr Pro Ala Ala Thr Gly Ala Ala	
1 5 10	
GCC GCG GTG ACG CCG GAG CAC GCG CGA CCG CAC CGA ATG GTC CGC TTC	98
Ala Ala Val Thr Pro Glu His Ala Arg Pro His Arg Met Val Arg Phe	
15 20 25 30	
AAC CCG CGC AGC GAC CGC TTC CAC ACG CTC TCC TTC CAC CAC GTC GAG	146
Asn Pro Arg Ser Asp Arg Phe His Thr Leu Ser Phe His His Val Glu	
35 40 45	
TTC TGG TGC GCG GAC GCC GCC TCC GCC GCC GGC CGC TTC GCG TTC GCG	194
Phe Trp Cys Ala Asp Ala Ala Ser Ala Ala Gly Arg Phe Ala Phe Ala	
50 55 60	
CTC GGC GCG CCG CTC GCC AGG TCC GAC CTC TCC ACG GGG AAC TCC	242
Leu Gly Ala Pro Leu Ala Ala Arg Ser Asp Leu Ser Thr Gly Asn Ser	
65 70 75	
GCG CAC GCC TCC CAG CTG CTC CGC TCG GGC TCC CTC GCC TTC CTC TTC	290
Ala His Ala Ser Gln Leu Leu Arg Ser Gly Ser Leu Ala Phe Leu Phe	
80 85 90	
ACC GCG CCC TAC GCC AAC GGC TGC GAC GCC ACC GCC TCC CTG CCC	338
Thr Ala Pro Tyr Ala Asn Gly Cys Asp Ala Ala Thr Ala Ser Leu Pro	
95 100 105 110	
TCC TTC TCC GCC GAC GCC GCG CGC CGG TTC TCC GCC GAC CAC GGG ATC	386
Ser Phe Ser Ala Asp Ala Ala Arg Arg Phe Ser Ala Asp His Gly Ile	
115 120 125	
GCG GTG CGC TCC GTA GCG CTG CGC GTC GCA GAC GCC GCG GAG GCC TTC	434
Ala Val Arg Ser Val Ala Leu Arg Val Ala Asp Ala Ala Glu Ala Phe	
130 135 140	
GCG GCC AGT CGT CGA CGG GGC GCG CGC CCG GCC TTC GCC CCC GTG GAC	482
Arg Ala Ser Arg Arg Gly Ala Arg Pro Ala Phe Ala Pro Val Asp	
145 150 155	
CTC GGC CGC GGC TTC GCG TTC GCG GAG GTC GAG CTC TAC GGC GAC GTC	530
Leu Gly Arg Gly Phe Ala Phe Ala Glu Val Glu Leu Tyr Gly Asp Val	
160 165 170	
GTG CTC CGC TTC GTC AGC CAC CCG GAC GGC ACG GAC GTG CCC TTC TTG	578
Val Leu Arg Phe Val Ser His Pro Asp Gly Thr Asp Val Pro Phe Leu	
175 180 185 190	

30

CCG GGG TTC GAG GGC GTA ACC AAC CCG GAC GCC GTG GAC TAC GGC CTG 626
 Pro Gly Phe Glu Gly Val Thr Asn Pro Asp Ala Val Asp Tyr Gly Leu
 195 200 205

ACG CGG TTC GAC CAC GTC GTC GGC AAC GTC CCG GAG CTT GCC CCC GCC 674
 Thr Arg Phe Asp His Val Val Gly Asn Val Pro Glu Leu Ala Pro Ala
 210 215 220

GCA GCC TAC ATC GCC GGG TTC ACG GGG TTC CAC GAG TTC GCC GAG TTC 722
 Ala Ala Tyr Ile Ala Gly Phe Thr Gly Phe His Glu Phe Ala Glu Phe
 225 230 235

ACG GCG GAG GAC GTG GGC ACG ACC GAG AGC GGG CTC AAC TCG GTG GTG 770
 Thr Ala Glu Asp Val Gly Thr Thr Glu Ser Gly Leu Asn Ser Val Val
 240 245 250

CTC GCC AAC AAC TCG GAG GGC GTG CTG CTG CCG CTC AAC GAG CCG GTG 818
 Leu Ala Asn Asn Ser Glu Gly Val Leu Leu Pro Leu Asn Glu Pro Val
 255 260 265 270

CAC GGC ACC AAG CGC CGG AGC CAG ATA CAG ACG TTC CTG GAA CAC CAC 866
 His Gly Thr Lys Arg Arg Ser Gln Ile Gln Thr Phe Leu Glu His His
 275 280 285

GGC GGC CCG GGC GTG CAG CAC ATC GCG GTG GCC AGC AGT GAC GTG CTC 914
 Gly Gly Pro Gly Val Gln His Ile Ala Val Ala Ser Ser Asp Val Leu
 290 295 300

AGG ACG CTC AGG AAG ATG CGT GCG CGC TCC GCC ATG GGC GGC TTC GAC 962
 Arg Thr Leu Arg Lys Met Arg Ala Arg Ser Ala Met Gly Gly Phe Asp
 305 310 315

TTC CTG CCA CCC CCG CTG CCG AAG TAC TAC GAA GGC GTG CGA CGC CTT 1010
 Phe Leu Pro Pro Pro Leu Pro Lys Tyr Tyr Glu Gly Val Arg Arg Leu
 320 325 330

GCC GGG GAT GTC CTC TCG GAG GCG CAG ATC AAG GAA TGC CAG GAG CTG 1058
 Ala Gly Asp Val Leu Ser Glu Ala Gln Ile Lys Glu Cys Gln Glu Leu
 335 340 345 350

GGT GTG CTC GTC GAT AGG GAC GAC CAA GGG GTG TTG CTC CAA ATC TTC 1106
 Gly Val Leu Val Asp Arg Asp Asp Gln Gly Val Leu Leu Gln Ile Phe
 355 360 365

ACC AAG CCA GTA GGG GAC AGG CCG ACC TTG TTC CTG GAG ATG ATC CAG 1154
 Thr Lys Pro Val Gly Asp Arg Pro Thr Leu Phe Leu Glu Met Ile Gln
 370 375 380

AGG ATC GGG TGC ATG GAG AAG GAC GAG AGA GGG GAA GAG TAC CAG AAG 1202
 Arg Ile Gly Cys Met Glu Lys Asp Glu Arg Gly Glu Glu Tyr Gln Lys
 385 390 395

31

GGT GGC TGC GGC GGG TTC GGC AAA GGC AAC TTC TCC GAG CTG TTC AAG 1250
 Gly Gly Cys Gly Gly Phe Gly Lys Gly Asn Phe Ser Glu Leu Phe Lys
 400 405 410

TCC ATT GAA GAT TAC GAG AAG TCC CTT GAA GCC AAG CAA TCT GCT GCA 1298
 Ser Ile Glu Asp Tyr Glu Lys Ser Leu Glu Ala Lys Gln Ser Ala Ala
 415 420 425 430

GTT CAG GGA TCA TAGGATAGAA GCTGGTCCTT GTATCATGGT CTCATGGAGC 1350
 Val Gln Gly Ser
 435

AAAAAGAAAAC AATGTTGTTT GTAATATGCG TCGCACAAATT ATATCAATGT TATAATTGGT 1410
 GAAGCTGAAG ACAGATGTAT CCTATGTATG ATGGGTGTAAGGGATGGTAG AGGGGCTCAC 1470
 ACATGAAGAA AATGTAGCGT TGACATTGTT GTACAATCTT GCTTGCAAGT AAAATAAAGA 1530
 ACAGATTGGT AGTTCTGCAA AAAAAAAA AAAAAA 1565

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 434 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

Met Pro Pro Thr Pro Thr Pro Ala Ala Thr Gly Ala Ala Ala Ala
 1 5 10 15

Val Thr Pro Glu His Ala Arg Pro His Arg Met Val Arg Phe Asn Pro
 20 25 30

Arg Ser Asp Arg Phe His Thr Leu Ser Phe His His Val Glu Phe Trp
 35 40 45

Cys Ala Asp Ala Ala Ser Ala Ala Gly Arg Phe Ala Phe Ala Leu Gly
 50 55 60

Ala Pro Leu Ala Ala Arg Ser Asp Leu Ser Thr Gly Asn Ser Ala His
 65 70 75 80

Ala Ser Gln Leu Leu Arg Ser Gly Ser Leu Ala Phe Leu Phe Thr Ala
 85 90 95

Pro Tyr Ala Asn Gly Cys Asp Ala Ala Thr Ala Ser Leu Pro Ser Phe
 100 105 110

Ser Ala Asp Ala Ala Arg Arg Phe Ser Ala Asp His Gly Ile Ala Val
 115 120 125

32

Arg Ser Val Ala Leu Arg Val Ala Asp Ala Ala Glu Ala Phe Arg Ala
130 135 140

Ser Arg Arg Arg Gly Ala Arg Pro Ala Phe Ala Pro Val Asp Leu Gly
145 150 155 160

Arg Gly Phe Ala Phe Ala Glu Val Glu Leu Tyr Gly Asp Val Val Leu
165 170 175

Arg Phe Val Ser His Pro Asp Gly Thr Asp Val Pro Phe Leu Pro Gly
180 185 190

Phe Glu Gly Val Thr Asn Pro Asp Ala Val Asp Tyr Gly Leu Thr Arg
195 200 205

Phe Asp His Val Val Gly Asn Val Pro Glu Leu Ala Pro Ala Ala Ala
210 215 220

Tyr Ile Ala Gly Phe Thr Gly Phe His Glu Phe Ala Glu Phe Thr Ala
225 230 235 240

Glu Asp Val Gly Thr Thr Glu Ser Gly Leu Asn Ser Val Val Leu Ala
245 250 255

Asn Asn Ser Glu Gly Val Leu Leu Pro Leu Asn Glu Pro Val His Gly
260 265 270

Thr Lys Arg Arg Ser Gln Ile Gln Thr Phe Leu Glu His His Gly Gly
275 280 285

Pro Gly Val Gln His Ile Ala Val Ala Ser Ser Asp Val Leu Arg Thr
290 295 300

Leu Arg Lys Met Arg Ala Arg Ser Ala Met Gly Gly Phe Asp Phe Leu
305 310 315 320

Pro Pro Pro Leu Pro Lys Tyr Tyr Glu Gly Val Arg Arg Leu Ala Gly
325 330 335

Asp Val Leu Ser Glu Ala Gln Ile Lys Glu Cys Gln Glu Leu Gly Val
340 345 350

Leu Val Asp Arg Asp Asp Gln Gly Val Leu Leu Gln Ile Phe Thr Lys
355 360 365

Pro Val Gly Asp Arg Pro Thr Leu Phe Leu Glu Met Ile Gln Arg Ile
370 375 380

Gly Cys Met Glu Lys Asp Glu Arg Gly Glu Glu Tyr Gln Lys Gly Gly
385 390 395 400

Cys Gly Gly Phe Gly Lys Gly Asn Phe Ser Glu Leu Phe Lys Ser Ile
405 410 415

33

Glu Asp Tyr Glu Lys Ser Leu Glu Ala Lys Gln Ser Ala Ala Val Gln
420 425 430

Gly Ser

Patentansprüche

1. DNA-Sequenz SEQ ID NO:1 und damit hybridisierende DNA-
5 Sequenzen kodierend für eine HPPD.
2. Expressionskassette enthaltend einen Promotor und eine
DNA-Sequenz gemäß Anspruch 1.
- 10 3. Expressionskassette nach Anspruch 2, enthaltend den CaMV35S-
Promotor.
4. Expressionskassette nach Anspruch 2, enthaltend den samens-
spezifischen Phaseolin-Promotor.
- 15 5. Expressionskassette nach Anspruch 2, wobei die DNA-Sequenz
gemäß Anspruch 1 funktionell mit einem anderen Protein so
verknüpft ist, daß ein gemeinsames Translationsprodukt ent-
steht.
- 20 6. Verwendung der Expressionskassette gemäß Anspruch 2 zur
Transformation von Pflanzen.
7. Verfahren zur Transformation einer Pflanze dadurch gekenn-
25 zeichnet, daß man eine Expressionskassette gemäß Anspruch 2
in eine Pflanzenzelle, in Kallusgewebe, eine ganze Pflanze
oder Protoplasten von Pflanzenzellen einbringt.
8. Verfahren zur Transformation von Pflanzen, dadurch gekenn-
30 zeichnet, daß man
 - 1) die Expressionskassette nach Anspruch 2 in einen Agro-
bakterienstamm transferiert,
 - 2) die entstandenen rekombinanten Klone isoliert und
 - 35 3) diese zur Transformation von Pflanzen verwendet.
9. Verfahren nach Anspruch 8, wobei die Transformation mit Hilfe
des Stammes *Agrobacterium tumefaciens* erfolgt.
- 40 10. Verfahren zur Transformation von Pflanzen gemäß Anspruch 7,
dadurch gekennzeichnet, daß die Transformation mit Hilfe der
Elektroporation erfolgt.

11. Verfahren zur Transformation von Pflanzen gemäß Anspruch 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Transformation mit Hilfe der particle bombardment Methode erfolgt.
- 5 12. Pflanze mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt enthaltend eine Expressionskassette gemäß den Ansprüchen 2 bis 5.
13. Pflanze gemäß Anspruch 12, ausgewählt aus der Gruppe Soja, Gerste, Hafer, Weizen, Raps, Mais oder Sonnenblume.
- 10 14. Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt, dadurch gekennzeichnet, daß eine DNA-Sequenz gemäß Anspruch 1 in Pflanzen exprimiert wird.
- 15 15. Verfahren nach Anspruch 14, dadurch gekennzeichnet, daß die DNA-Sequenz in einer Tabakpflanze exprimiert wird.
16. Verfahren nach Anspruch 14 und 15, dadurch gekennzeichnet, daß die Expression in den Blättern oder den Samen der Pflanze erfolgt.
- 20 17. Verwendung von Expressionskassetten gemäß den Ansprüchen 2 bis 5 zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhtem Vitamin E-Gehalt durch Expression einer DNA-Sequenz gemäß Anspruch 1 in Pflanzen.
- 25 18. Verwendung der Expressionskassette gemäß Anspruch 2 zur Herstellung eines Testsystems zur Identifizierung von Inhibitoren der HPPD.
- 30 19. Testsystem basierend auf der Expression einer Expressionskassette gemäß Anspruch 2 zur Identifizierung von Inhibitoren der HPPD.
- 35 20. Herbizide Wirkstoffe, identifizierbar mittels eines Testsystems gemäß Anspruch 19.
21. Verwendung einer Pflanze gemäß Anspruch 12 zur Herstellung pflanzlicher HPPD.
- 40 22. Verwendung der Expressionskassette gemäß Anspruch 2 zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhter Resistenz gegenüber Inhibitoren der HPPD durch verstärkte Expression einer DNA-Sequenz gemäß Anspruch 1.

36

23. Verfahren zur Herstellung von Pflanzen mit erhöhter Resistenz gegenüber Inhibitoren der HPPD durch verstärkte Expression einer DNA-Sequenz gemäß Anspruch 1.

5 24. Pflanze mit erhöhter Resistenz gegenüber Inhibitoren der HPPD enthaltend eine Expressionskassette gemäß den Ansprüchen 2 bis 5.

10

15

20

25

30

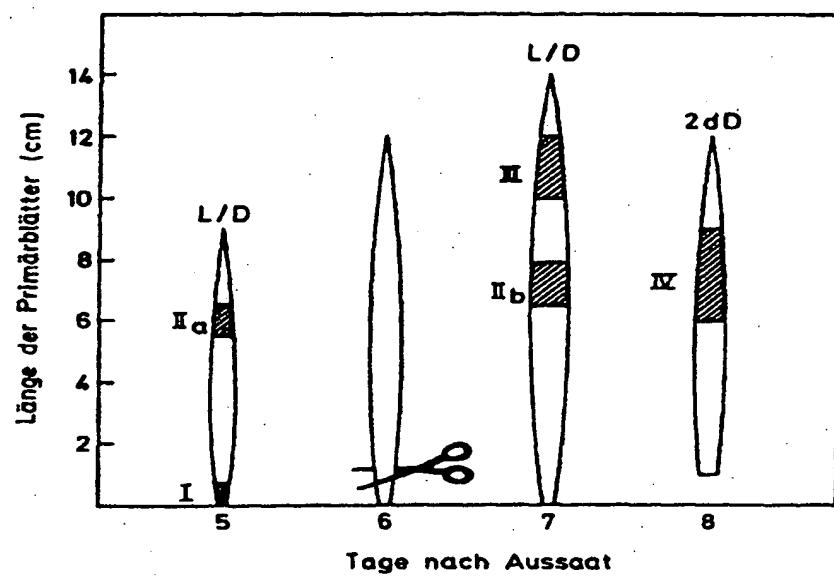
35

40

45

1/7

Fig. 1/7



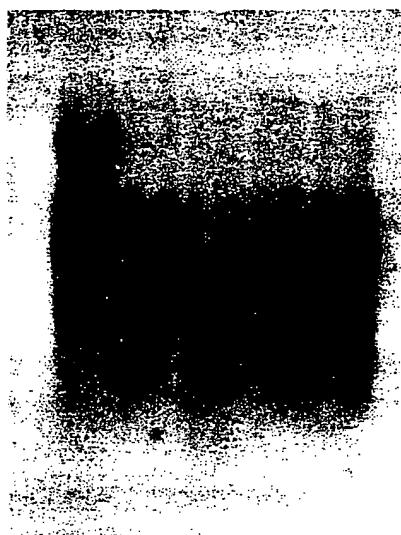
2/7

Fig. 2/7

I IIa IIb III IV

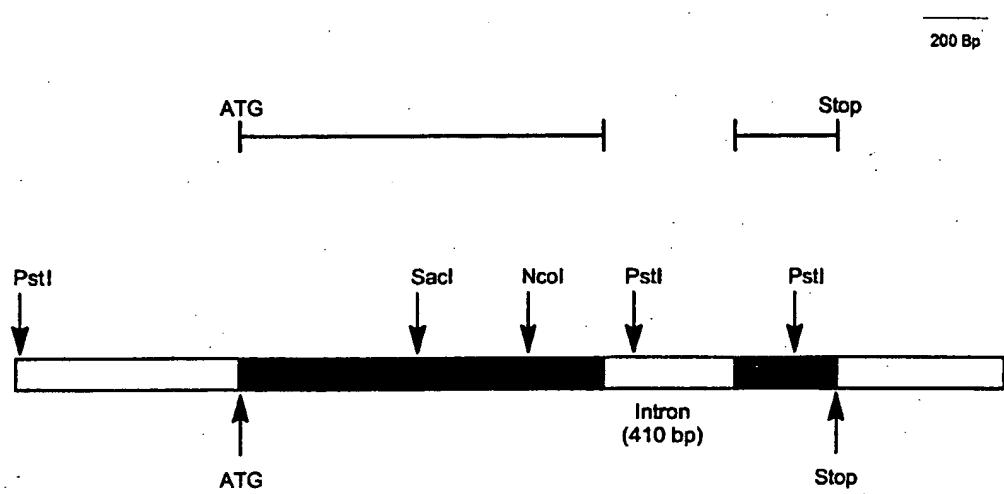
3100 nt →

1600 nt →



3/7

Fig. 3/7



4/7

Fig. 4/7

FIG.4A

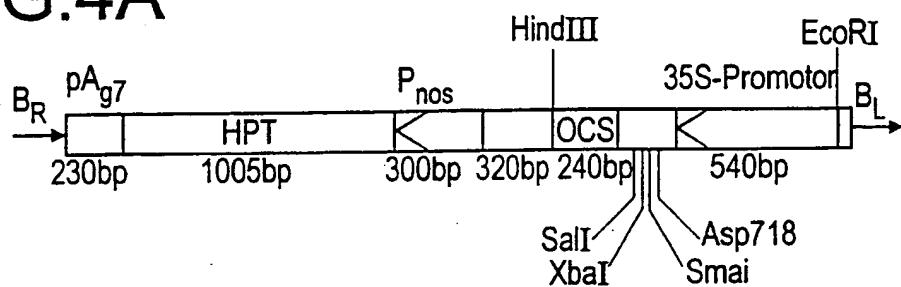
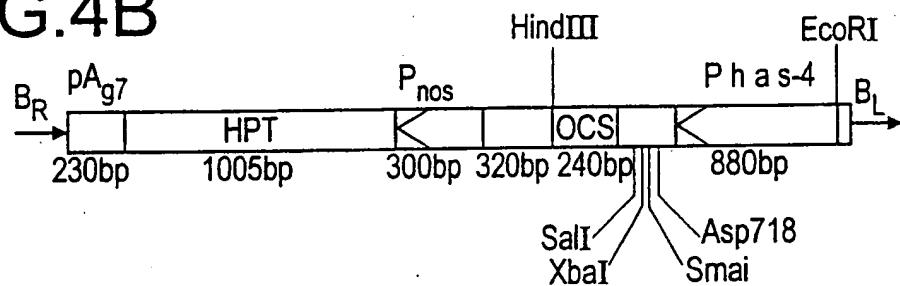


FIG.4B

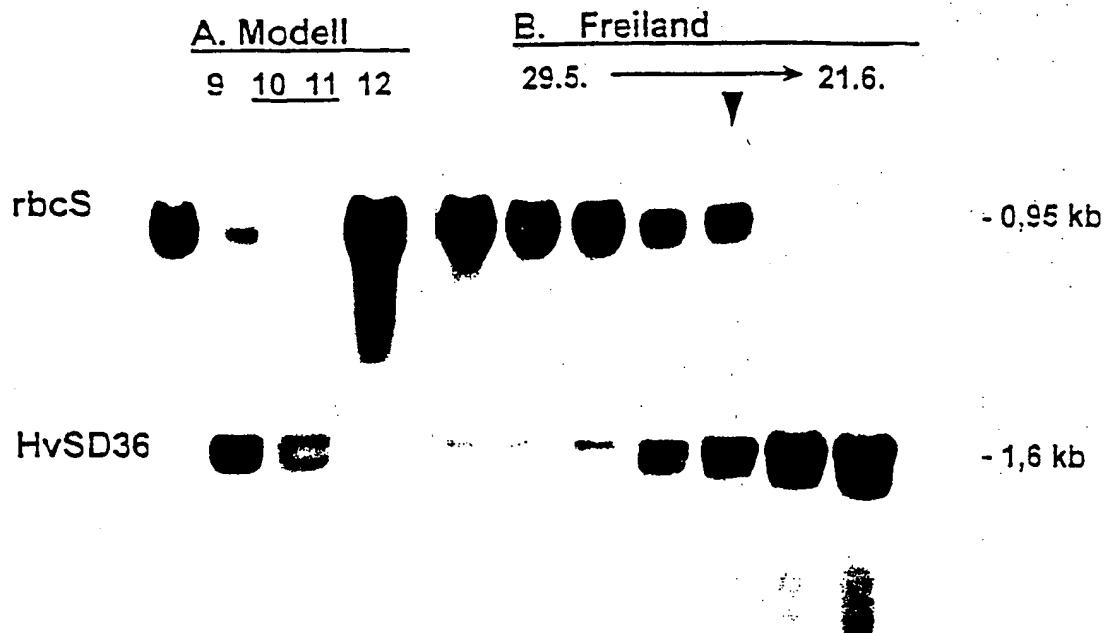


5/7

Fig. 5/7

Primerkombination**A B****9 9' 11 11' 9 9' 11 11'**

Fig. 6/7



7/7

Fig. 7/7

B E H X



ERSATZBLATT (REGEL 26)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

In. International Application No

PCT/EP 98/03832

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
 IPC 6 C12N15/82 C12N15/53 C12N9/02 C12N5/10 G01N33/50
 A01H5/00

According to International Patent Classification(IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N G01N A01H

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 96 38567 A (RHONE POULENC AGROCHIMIE ; SAILLAND ALAIN (FR); ROLLAND ANNE (FR);) 5 December 1996 cited in the application pages 1, 2; example	1-3, 6-11, 22-24
Y		18-20
X	NORRIS, S.R., ET AL. : "arabidopsis plastoquinone and tocopherol biosynthetic mutants are also carotenoid deficient" PLANT PHYSIOLOGY, SUPPLEMENT, vol. 111, no. 2, June 1996, page 40 XP002083334	1-3, 6-12, 14, 16, 17, 21
Y	see the whole document	18-20
		-/-

Further documents are listed in the continuation of box C.

Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- "E" earlier document but published on or after the international filing date
- "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- "T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- "&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

11 November 1998

Date of mailing of the international search report

27/11/1998

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
 NL - 2280 HV Rijswijk
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl.
 Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Holtorf, S

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

In- international Application No

PCT/EP 98/03832

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	BARTA I C ET AL: "PURIFICATION AND CHARACTERIZATION OF 4-HYDROXYPHENYL PYRUVATE DIOXYGENASE FROM MAIZE" PESTICIDE SCIENCE, vol. 48, no. 2, 1996, pages 109-116, XP000646540 pages 109, 110, left hand-column; page 115 ---	20
X	LENNE C ET AL: "LOCALIZATION AND PARTIAL PURIFICATION OF P-HYDROXYPHENYL PYRUVATE DIOXYGENASE FROM CULTURED CARROT CELLS" PHOTOSYNTHESIS: FROM LIGHT TO BIOSPHERE. PROCEEDINGS OF THE INTERNATIONAL PHOTOSYNTHESIS CONGRESS, vol. 5, 20 August 1995, pages 285-288, XP000646348 see page 288 ---	1
Y	"LARGE SCALE TESTING OF 4-HYDROXYPHENYL PYRUVATE DIOXYGENASE FOR THE DETECTION OF NEW HERBICIDAL LEADS" RESEARCH DISCLOSURE, no. 393, January 1997, page 73 XP000693711 see the whole document ---	18-20
A	NORRIS S R ET AL: "GENETIC DISSECTION OF CAROTENOID SYNTHESIS IN ARABIDOPSIS DEFINES PLASTOQUINONE AS AN ESSENTIAL COMPONENT OF PHYTOENE DESATURATION" PLANT CELL, vol. 7, December 1995, pages 2139-2149, XP002041909 abstract, page 2140, left hand column; page 2141, right hand column; pages 2142, 2143; figures 3, 4, 7 ---	1-24
P, X	KLEBER-JANKE, T. AND KRUPINSKA, K.: "isolation of cDNA clones for genes showing enhanced expression in barley leaves during dark-induced senescence as well as during senescence under field conditions" PLANTA, vol. 203, November 1997, pages 332-340, XP002083335 abstract, page 337,; page 339, figures 2, 4; table 2 ---	1
P, X	WO 97 27285 A (UNIV ARIZONA) 31 July 1997 pages 4, 6, 7-10, 14, 24, 26; claims ---	1-3, 6-12, 14, 16-19, 21 -/-

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Int	lational Application No
PCT/EP 98/03832	

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P, X	<p>WO 97 49816 A (DU PONT ;MAXWELL CARL ARTHUR (US); SCOLNIK PABLO ARIEL (US); WITTE) 31 December 1997</p> <p>abstract, page 2; page 3, lines 9-16; pages 10, 11, 14, 15; examples</p> <p>---</p>	1-3, 6-11, 18-20, 22-24
P, X	<p>GARCIA I ET AL: "SUBCELLULAR LOCALIZATION AND PURIFICATION OF A P-HYDROXYPHENYL PYRUVATE DIOXYGENASE FROM CULTURED CARROT CELLS AND CHARACTERIZATION OF THE CORRESPONDING cDNA"</p> <p>BIOCHEMICAL JOURNAL,</p> <p>vol. 325, no. PART 03, 1 August 1997,</p> <p>pages 761-769, XP002070560</p> <p>pages 761, 764; 763, right hand column;</p> <p>pages 766, 767; figure 3</p> <p>---</p>	1,2

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP 98/03832

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)		Publication date
WO 9638567	A 05-12-1996	FR	2734840 A	06-12-1996
		FR	2734841 A	06-12-1996
		FR	2734842 A	06-12-1996
		AU	6228696 A	18-12-1996
		CA	2219979 A	05-12-1996
		CZ	9703809 A	18-03-1998
		EP	0828837 A	18-03-1998
		HR	960245 A	31-08-1997
		PL	323679 A	14-04-1998
WO 9727285	A 31-07-1997	AU	1845397 A	20-08-1997
WO 9749816	A 31-12-1997	AU	3644697 A	14-01-1998

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

In nationales Aktenzeichen

PCT/EP 98/03832

A. KLASIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES
 IPK 6 C12N15/82 C12N15/53 C12N9/02 C12N5/10 G01N33/50
 A01H5/00

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N G01N A01H

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	WO 96 38567 A (RHONE POULENC AGROCHIMIE ; SAILLAND ALAIN (FR); ROLLAND ANNE (FR)); 5. Dezember 1996 in der Anmeldung erwähnt Seite 1,2; Beispiele	1-3, 6-11, 22-24
Y		18-20
X	NORRIS, S.R., ET AL. : "arabidopsis plastoquinone and tocopherol biosynthetic mutants are also carotenoid deficient" PLANT PHYSIOLOGY, SUPPLEMENT, Bd. 111, Nr. 2, Juni 1996, Seite 40 XP002083334	1-3, 6-12, 14, 16, 17, 21
Y	siehe das ganze Dokument	18-20

	-/-	

Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung

eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist.

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erforderlicher Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erforderlicher Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann nahelegend ist

"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

11. November 1998

27/11/1998

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde
 Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
 NL - 2280 HV Rijswijk
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl.
 Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Holtorf, S

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Int. nationales Aktenzeichen

PCT/EP 98/03832

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	BARTA I C ET AL: "PURIFICATION AND CHARACTERIZATION OF 4-HYDROXYPHENYL PYRUVATE DIOXEGENASE FROM MAIZE" PESTICIDE SCIENCE, Bd. 48, Nr. 2, 1996, Seiten 109-116, XP000646540 Seiten 109, 110, linke Spalte; Seite 115 ---	20
X	LENNE C ET AL: "LOCALIZATION AND PARTIAL PURIFICATION OF P-HYDROXYPHENYL PYRUVATE DIOXYGENASE FROM CULTURED CARROT CELLS" PHOTOSYNTHESIS: FROM LIGHT TO BIOSPHERE. PROCEEDINGS OF THE INTERNATIONAL PHOTOSYNTHESIS CONGRESS, Bd. 5, 20. August 1995, Seiten 285-288, XP000646348 siehe Seite 288 ---	1
Y	"LARGE SCALE TESTING OF 4-HYDROXYPHENYL PYRUVATE DIOXUGENASE FOR THE DETECTION OF NEW HERBICIDAL LEADS" RESEARCH DISCLOSURE, Nr. 393, Januar 1997, Seite 73 XP000693711 siehe das ganze Dokument ---	18-20
A	NORRIS S R ET AL: "GENETIC DISSECTION OF CAROTENOID SYNTHESIS IN ARABIDOPSIS DEFINES PLASTOQUINONE AS AN ESSENTIAL COMPONENT OF PHYTOENE DESATURATION" PLANT CELL, Bd. 7, Dezember 1995, Seiten 2139-2149, XP002041909 Zusammenfassung, Seite 2140, linke Spalte: Seite 2141, rechte Spalte; Seiten 2142, 2143; Abb. 3, 4, 7 ---	1-24
P, X	KLEBER-JANKE, T. AND KRUPINSKA, K.: "isolation of cDNA clones for genes showing enhanced expression in barley leaves during dark-induced senescence as well as during senescence under field conditions" PLANTA, Bd. 203, November 1997, Seiten 332-340, XP002083335 Zusammenfassung, Seite 337; Seite 339, Abb. 2, 4; Tabelle 2 ---	1
P, X	WO 97 27285 A (UNIV ARIZONA) 31. Juli 1997 Seiten 4, 6, 7-10, 14, 24, 26; Ansprüche ---	1-3, 6-12, 14, 16-19, 21 -/-

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 98/03832

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P,X	WO 97 49816 A (DU PONT ;MAXWELL CARL ARTHUR (US); SCOLNIK PABLO ARIEL (US); WITTE) 31. Dezember 1997 Zusammenfassung, Seite 2; Seite 3, Zeile 9-16; Seiten 10,11,14,15; Beispiele ---	1-3, 6-11, 18-20, 22-24
P,X	GARCIA I ET AL: "SUBCELLULAR LOCALIZATION AND PURIFICATION OF A P-HYDROXYPHENYL PYRUVATE DIOXYGENASE FROM CULTURED CARROT CELLS AND CHARACTERIZATION OF THE CORRESPONDING cDNA" BIOCHEMICAL JOURNAL, Bd. 325, Nr. PART 03, 1. August 1997, Seiten 761-769, XP002070560 Seiten 761,764; 763, rechte Spalte; Seite 766, 767; Abb.3 -----	1,2

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHTAngaben zu Veröf~~t~~^{te}ungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 98/03832

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie		Datum der Veröffentlichung
WO 9638567 A	05-12-1996	FR	2734840 A	06-12-1996
		FR	2734841 A	06-12-1996
		FR	2734842 A	06-12-1996
		AU	6228696 A	18-12-1996
		CA	2219979 A	05-12-1996
		CZ	9703809 A	18-03-1998
		EP	0828837 A	18-03-1998
		HR	960245 A	31-08-1997
		PL	323679 A	14-04-1998
-----	-----	-----	-----	-----
WO 9727285 A	31-07-1997	AU	1845397 A	20-08-1997
-----	-----	-----	-----	-----
WO 9749816 A	31-12-1997	AU	3644697 A	14-01-1998
-----	-----	-----	-----	-----